

Cartographie des zones à risque de transmission du virus Ebola en Guinée forestière par la méthode d'évaluation multi- critère spatialisée

Larisa LEE CRUZ

SYSTÈMES
D'INFORMATIONS
LOCALISÉES
POUR
L'AMÉNAGEMENT
DES TERRITOIRES

Directeur du projet : Annelise Tran (Cirad)

Tuteur SILAT : Danny Lo Seen (Cirad)

Rapporteurs :

Avril-Septembre 2019



Mastère Spécialisé de la Conférence des Grandes Écoles

<p>Annelise TRAN CIRAD, CYROI 2, rue Maxime Riviere, 97490 Ste. Clotilde REUNION Tel. 02 62 93 88 26 annelise.tran@cirad.fr Commanditaire</p>	<p>Danny LO SEEN UMR TETIS Maison de la Télédétection 500 rue JF Breton 34093 Montpellier cedex 5 Tél. 04 67 54 87 34 danny.lo_seen@cirad.fr Tuteur</p>	<p>Larisa LEE CRUZ Mastère Spécialisé SILAT Maison de la Télédétection 500 rue JF Breton 34093 Montpellier cedex 5 larisa.leecruz@agroparistech.fr leecruz@gmail.com Auditeur SILAT</p>
----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

LETTRE DE MISSION

Le virus Ebola est un virus zoonotique d'une haute virulence chez les humains qui peut entraîner une mortalité de plus de 50%. Lors d'un épisode zoonotique dans 4 pays de l'Afrique de l'Ouest, déclaré comme une Urgence de Santé Publique de Portée Internationale par l'Organisation Mondiale de la Santé, plus de 30 000 personnes ont été infectées entre 2013 et 2016. Les espèces réservoirs du virus n'ont pas encore été identifiées. Néanmoins des facteurs anthropiques et écologiques qui ont comme conséquence l'augmentation des contacts homme-animal pourraient augmenter le risque de nouvelles épidémies.

Le projet EBOHEALTH «Ebola : un modèle *one Health* pour comprendre et prévenir les risques d'émergence », dans lequel s'inscrit ce stage, a pour but comprendre l'émergence, la diffusion et les conséquences sanitaires d'une épidémie avec une approche multidisciplinaire.

L'objectif principal du stage est d'établir une cartographie du risque de transmission du virus Ebola de l'animal à l'homme en Guinée forestière par une approche d'évaluation multi-critère spatialisée. Le programme du stage sera le suivant :

1. Revue bibliographique, analyse de la problématique.
2. Collecte des données géographiques et mise en place d'un SIG.
3. Mise en œuvre de l'évaluation multicritère spatialisée: identification, pondération, standardisation des facteurs de risque, cartographie, analyse de sensibilité.
4. Evaluation du modèle : mise en œuvre sur un deuxième site et confrontation aux données épidémiologiques.
5. Rédaction du rapport de stage et présentation des résultats auprès des partenaires.

Les résultats attendus sont :

- Le développement d'une méthode de cartographie de risque d'émergence d'une maladie à réservoir sauvage
- L'application et la validation de cette méthode sur deux sites, avec l'exemple de la transmission du virus Ebola de l'animal à l'homme en Guinée forestière et dans un deuxième site choisi par le commanditaire.

Livrables :

- Synthèse bibliographique
- BDD de facteurs de risques anthropiques et écologiques identifiés pour la transmission du virus Ebola en Guinée forestière
- Cartes de risque de transmission du virus Ebola de l'animal à l'homme en Guinée forestière
- Rapport de stage
- Présentation des résultats auprès de partenaires

Le stage se déroulera du 1^{er} avril 2019 au 30 septembre 2019. Le stagiaire sera encadré à distance par Annelise Tran (Cirad, UMR TETIS, UMR ASTRE) et co-encadré à la Maison de la Télédétection par Maxime Lenormand (Irstea, UMR TETIS). Il disposera de tous les moyens matériels nécessaires pour la bonne réalisation de ces missions.

Pour mener à bien les différentes missions à sa charge, le stagiaire devra faire preuve d'autonomie, organisation et facilités rédactionnelles.

Table de matières

1. Introduction	3
1.1 Contexte.....	3
1.1.1 Le virus Ebola	3
1.1.2 Le Projet EboHealth dans le modèle OneHealth, Global Health.....	5
1.2 Objectifs.....	6
1.3 Etudes précédentes sur les facteurs de risque de <i>spillover</i> du virus Ebola.....	6
1.4 Evaluation multicritère spatialisée.....	8
2. Matériel et Méthodes	10
2.1 Zone d'étude	10
2.2 Sélection des critères de risque de <i>spillover</i> d'EBOV.....	11
2.3 Traitement de données.....	11
2.4 Calcul de poids des facteurs de risque.....	12
2.5 Création des cartes de favorabilité de <i>spillover</i> d'EBOV.....	16
2.6 Validation de la méthode.....	17
3. Résultats	17
3.1 Cartes de favorabilité de <i>spillover</i> d'EBOV en Guinée forestière	17
3.1.1 Carte de favorabilité de <i>spillover</i> d'EBOV pour décembre 2013.....	17
3.1.2 Cartes de favorabilité de <i>spillover</i> d'EBOV par groupe d'espèce.....	18
3.1.3 Série temporelle de risque de <i>spillover</i> d'EBOV	18
3.2 Validation	18
3.2.1 Chauves-souris testées pour Ebolavirus en Guinée forestière.....	18
3.2.2 Cartes de favorabilité du Congo	19
4. Discussion	20
5. Conclusion et Perspectives	23

Index des Tableaux et Figures

Figure 1.	4
Localisation des cas de spillover du virus <i>Zaire ebolavirus</i> en Afrique Central et en Afrique de l'Ouest entre 1976 et 2014.	
Figure 2.	9
Procédure schématique du GIS-MCE.	
Figure 3.	10
Zone d'étude : Guinée forestière en Guinée, Afrique de l'Ouest.	
Tableau 1.	13
Facteurs de risque de spillover du virus Ebola.	
Tableau 2.	14
Facteurs de risque identifiés et leurs variables associées dans chaque catégorie de risque.	
Figure 4.	15
Cartes de facteurs de risque de <i>spillover</i> d'EBOV en Guinée forestière.	
Figure 5.	18
Carte de risque de <i>spillover</i> d'EBOV en Guinée forestière en décembre 2013.	
Figure 6.	20
Boîte à moustache des valeurs de pixels dans les sites d'échantillonnage de chauves-souris.	
Figure 7.	21
Cartes de favorabilité de <i>spillover</i> d'EBOV au Congo.	
Figure 8.	22
Distribution des valeurs du pixel dans les cartes de favorabilité de <i>spillover</i> au Congo en juin 2001 et juin 2003.	

Annexes

Annexe 1.	31
Sources des données, prétraitements et calculs de variables associées aux facteurs de risque de spillover d'EBOV.	
Annexe 2.	39
Matrices de comparaison des facteurs de risque de spillover d'EBOV et poids obtenus pour les trois types de facteurs de risque considérés et les espèces potentiellement impliqués.	
Annexe 3.	43
Schéma de création des cartes de favorabilité de spillover d'EBOV.	
Annexe 4.	44
Résultats supplémentaires.	
Annexe 5.	48
Scripts R pour réaliser le MCE	

1. Introduction

Les maladies infectieuses émergentes (MIE) sont responsables de plus de 25 % de décès dans la population humaine mondiale (Morens *et al.*, 2004). Environ 60 % des MIE sont d'origine zoonotique (i.e. maladies affectant des animaux), et plus de 70 % de celles-ci sont liées aux animaux sauvages (Jones *et al.*, 2008). L'incidence des zoonoses est en augmentation (Smith *et al.*, 2014) et il est hautement probable que cette augmentation soit liée, entre autres facteurs, à la modification d'habitats naturels et à l'intrusion humaine croissante dans ces habitats (Daszak *et al.*, 2000).

La maladie d'Ebola est une MIE d'origine zoonotique, apparue en 1976 et récemment responsable d'épidémies importantes en Afrique Centrale et de l'Ouest. L'épidémie qui a eu lieu en Afrique de l'Ouest entre 2013 et 2016 attire notre attention sur la nécessité de mieux se préparer à détecter et à faire face aux épidémies futures. Cette mission professionnelle s'insère dans le cadre du projet EboHealth dont l'objectif est de mieux comprendre l'émergence, la dissémination et les conséquences de cette maladie et de définir des stratégies de surveillance et de prévention adaptées (EboHealth 2018).

1.1 Contexte

1.1.1 *Le virus Ebola*

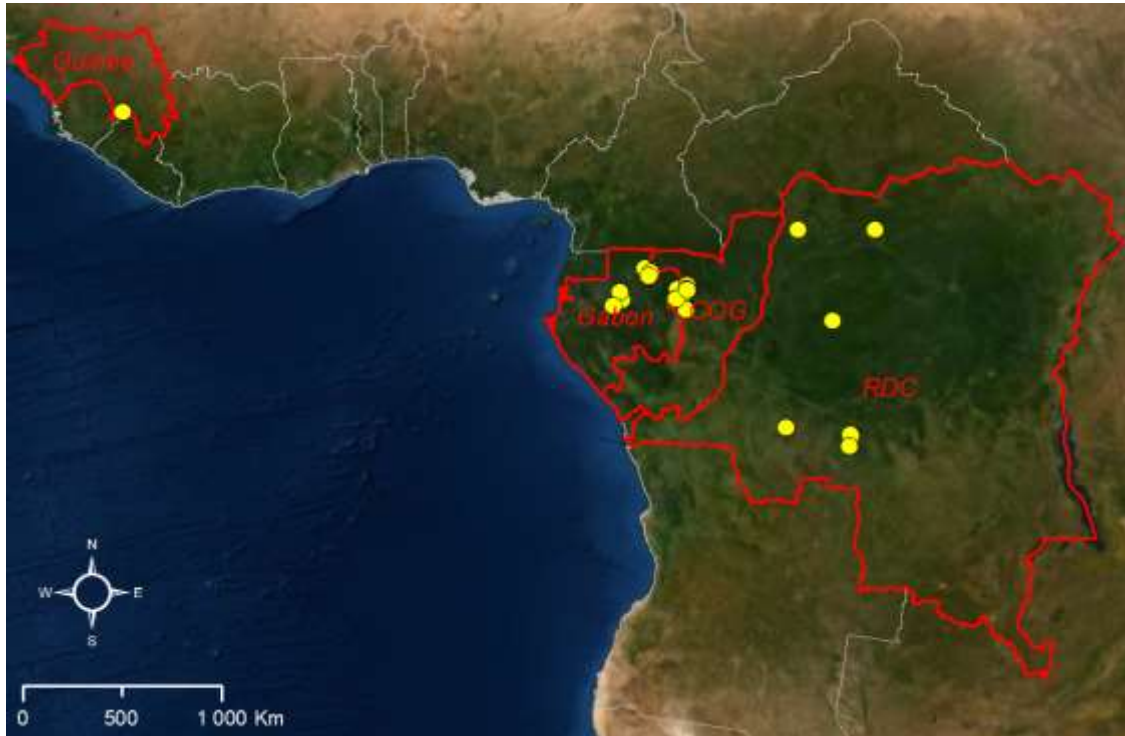
Le virus Ebola appartient au genre *Ebolavirus* dans la famille Filoviridae (Martines *et al.*, 2015). Le genre *Ebolavirus* comprend six espèces : *Zaire ebolavirus*, *Sudan ebolavirus*, *Bundibugyo ebolavirus*, *Tai ebolavirus*, *Reston ebolavirus* et le récemment découvert *Bombali ebolavirus* (Goldstein *et al.*, 2018). Tous les ebolavirus sauf *Reston ebolavirus* et *Bombali ebolavirus*, jusqu'à présent, sont pathogènes chez l'humain. *Zaire ebolavirus* (EBOV) est le plus pathogène de tous avec un taux de mortalité compris entre 70 % à 90 % (Martines *et al.*, 2015).

La période d'incubation d'EBOV est de 2 à 21 jours. L'infection par *Ebolavirus* est caractérisée par des symptômes tels que frissons, douleurs musculaires, faiblesse, nausée, diarrhée, vomissement et dans le pire des cas, peut entraîner la mort suite à une hémorragie sévère et la défaillance d'organes (Martines *et al.*, 2015). Chez les humains, l'EBOV est transmis par le contact de fluides corporels d'une personne infectée ou par le contact avec des surfaces contaminées par le virus (Bausch *et al.*, 2007). C'est pourquoi des mesures sanitaires strictes sont nécessaires pour le contrôle des épidémies d'Ebola.

L'infection par *Ebolavirus* est d'origine zoonotique, c'est à dire provoquée par des animaux infectés ou des espèces réservoirs du virus (espèces porteurs du virus, où le virus est maintenu en permanence, Viana *et al.*, 2014) qui le transmettent aux humains (i.e. *spillover*) (Caron *et al.*, 2018 ; Leroy *et al.*, 2004). Les premières épidémies d'Ebola ont eu lieu au Soudan et Zaïre (actuelle République

Démocratique du Congo -RDC) en 1976, et étaient provoquées par *Sudan ebolavirus* et *Zaire ebolavirus* respectivement (Groseth *et al.*, 2007). Depuis, il y a eu 28 épidémies, la plupart provoquées par EBOV en Afrique Centrale (CDC, 2019) (Fig. 1).

Figure 1. Localisation des cas de spillover du virus *Zaire ebolavirus* en Afrique Centrale et en Afrique de l'Ouest entre 1976 et 2014. (COG : République du Congo ; RDC : République Démocratique du Congo).



Source des données: Schmidt *et al.* 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.3201/eid2303.160101>; fonds de carte: Esri, DigitalGlobe ; GeoEye ; Earthstar Geographics ; CNES/Airbus DS, USDA, USGS, AeroGRID, IGN, and GIS User Community.

Les espèces réservoirs du virus EBOV sont actuellement encore inconnues. Des animaux morts tels que chimpanzés, gorilles, singes et antilopes ont été impliqués dans différents événements de *spillover* (Judson *et al.*, 2016 ; Leroy *et al.*, 2004). Néanmoins, ces animaux peuvent être des hôtes intermédiaires qui peuvent succomber à l'infection (Leroy *et al.*, 2004 ; Ayoub *et al.*, 2019). Diverses études ont signalé les chauves-souris comme très probablement espèces réservoirs (par ex. Leroy *et al.*, 2009 ; De Nys *et al.*, 2018 ; Leroy *et al.*, 2005 ; Goldstein *et al.*, 2018). Des inoculations expérimentales ont montré qu'EBOV était capable de se répliquer dans diverses espèces de chauves-souris (Swanepoel *et al.*, 1996). Fragments du virus et anticorps ont été aussi trouvés dans des chauves-souris sauvages indiquant une exposition antérieure au virus (De Nys *et al.*, 2018 ; Leroy *et al.*, 2005). De plus, les roussettes (*Pteropodidae*) ont été identifiées comme le réservoir primaire naturel pour le *Marburgvirus*, un filovirus qui cause une fièvre hémorragique similaire à Ebola chez l'humain (Olival & Hayman, 2014). Cependant, il n'y a pas encore de certitude sur cette question et la

recherche des espèces réservoir est un sujet actif de recherche (Leendertz, 2016 ; Caron *et al.*, 2018 ; Leendertz *et al.*, 2016).

1.1.2 Le Projet EboHealth dans le modèle OneHealth, Global Health

Cette mission professionnelle s'insère dans le cadre du projet EboHealth financé par l'ANR dans le cadre du programme de soutien à la recherche I-MUSE. Organismes français (Cirad, INSERM, IRD, Université de Montpellier) et guinéens (Université Gamal Nasser, CERFIG, InVS, CHU Donka) collaborent sur ce projet dont l'objectif est de contribuer à une meilleure compréhension de l'émergence et propagation des maladies virales zoonotiques en utilisant l'épidémie d'Ebola en Afrique de l'Ouest comme exemple.

Le projet EboHealth se concentre sur les causes, conséquences et réponses lors de l'émergence d'une maladie virale infectieuse dans un contexte multidisciplinaire et transversal *One Health, Global Health*. L'approche *One Health* a pour but « la conception et mise en œuvre de programmes, de politiques, législations et travaux de recherche pour lesquels plusieurs secteurs communiquent et collaborent en vue d'améliorer les résultats en matière de santé publique » (OMS, 2019). Le concept *Global Health* fait référence à n'importe quelle question de santé concernant plusieurs pays ou influencée par des facteurs transnationaux tels que le changement climatique et l'urbanisation (Koplan *et al.*, 2009). Donc, dans un contexte *One Health, Global Health* les solutions aux problèmes de santé quels qu'ils soient (maladies infectieuses, addiction au tabac, famine) sont envisagées d'une manière holistique, avec la construction de collaborations multidisciplinaires et transnationales. La prévention, le traitement et les soins de santé sont aussi englobés dans ce contexte.

La considération de la maladie Ebola dans un contexte *One Health, Global Health* est tout à fait pertinente. En effet, la pathogénicité élevée du virus, la période d'incubation asymptomatique et la transmission efficace du virus d'une personne à une autre sont des facteurs qui favorisent une épidémie, et la perméabilité de frontières peut faciliter l'expansion rapide de l'épidémie au-delà du pays d'origine. Cela a été évident lors de l'épidémie en Afrique de l'Ouest. Le cas initial a été vraisemblablement un enfant de 2 ans infecté en décembre 2013 à Méliandou (Saéz *et al.*, 2015), un village rural en Guinée entouré de forêt, habité par environ 30 familles (Timothy *et al.*, 2019). En juin 2014 l'épidémie s'était répandue au Liberia et Sierra Leone (Carroll *et al.*, 2015). En mars 2016, quand la fin de l'urgence épidémique a été déclarée (OMS, 2016), plus de 28 000 cas d'infection et plus de 11 000 décès, possiblement plus, avaient été rapportés en Guinée, Liberia et Sierra Leone. D'autres cas avaient été rapportés en Italie, Mali, Nigeria, Sénégal, Espagne, Royaume Uni et aux Etats Unis (WHO Ebola Response Team, 2016).

Outre le risque global que la maladie Ebola représente, la transmission du virus des animaux aux humains est un phénomène où des facteurs environnementaux, climatiques et sociaux jouent un rôle important. Certains pays d'Afrique équatoriale, tels que le Gabon, le Cameroun, la République du

Congo et la Guinée, ont été identifiés comme zones à risque de *spillover* d'*Ebolavirus* (Pigott et al. 2016 ; Pigott et al. 2014 ; Schmid et al. 2017 ; Walsh et Haseeb 2015), et la période de transition entre la saison de pluie et la saison sèche comme une période plus favorable à la transmission du virus (Schmidt et al. 2017). Pour la prévention des futures épidémies il est donc nécessaire de mieux connaître les facteurs et les interactions entre ces facteurs qui favoriseraient le *spillover* du virus des animaux aux hommes. Cela demande une collaboration entre écologues, vétérinaires, virologues et anthropologues, entre autres. Notamment, la géomatique est une discipline qui peut beaucoup apporter grâce à sa capacité d'analyser la dimension spatiale des facteurs de risque de *spillover* d'*Ebolavirus*. C'est sur ce thème que cette mission professionnelle contribue au projet EboHealth.

1.2 Objectifs

L'objectif de cette mission professionnelle est d'établir une cartographie du risque de transmission du virus Ebola de l'animal à l'homme en Guinée forestière en utilisant l'approche d'évaluation multicritère spatialisée. Cette méthode intègre les connaissances existantes d'une problématique à un instant donnée pour produire des cartes de risque lorsqu'il y a peu de données d'occurrence d'une maladie. De plus, ces cartes peuvent être actualisées au fur et à mesure que les connaissances sur la maladie s'améliorent ou sont validées lorsque des nouvelles données d'occurrence sont disponibles.

Les résultats attendus de cette mission professionnelle sont dans un premier temps le développement d'une méthode de cartographie de risque d'émergence d'une maladie à réservoir sauvage. Dans un deuxième temps, la méthode développée est testée puis validée en utilisant l'exemple de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière et dans un autre site en Afrique Centrale.

Les cartes issues de ce travail permettront d'identifier des zones favorables à la transmission d'EBOV dans un futur proche, d'examiner le risque de *spillover* à une échelle local, ainsi que d'identifier des zones pour cibler les enquêtes du terrain nécessaires pour évaluer la séroprévalence du virus dans la population humaine. Notamment, elles seront utilisées pour la surveillance d'une réémergence d'Ebola en Guinée.

1.3 Etudes précédentes sur les facteurs de risque de *spillover* du virus Ebola

Plusieurs études ont essayé d'identifier les facteurs qui favoriseraient le *spillover* du virus Ebola vers l'homme. Cette quête est devenue plus urgente suite à l'épidémie en Afrique de l'Ouest (2013-2016). Cette épidémie, en plus d'être la plus importante en nombre de cas d'infection, a été complètement inattendue car avant ceci les épidémies provoquées par l'EBOV avaient été localisées en Afrique Centrale, concentrés principalement dans le bassin du Congo (Mylne *et al.*, 2014) (Fig. 1).

Le phénomène de *spillover* d'un virus est complexe et multifactorielle. Pour qu'un virus soit transmis de l'espèce réservoir à l'hôte destinataire (l'humain dans le cas d'Ebola) certaines conditions doivent

être remplies : le virus doit circuler en quantité suffisante chez l'espèce réservoir (et dans la population de l'espèce) pour pouvoir être transmis ; il doit être capable de survivre hors de l'hôte réservoir un temps suffisant pour la transmission à un autre hôte ; l'hôte destinataire (intermédiaire ou final) doit entrer en contact avec la source du virus et il doit aussi être susceptible à l'infection par celui-ci (Plowright *et al.*, 2015). Ainsi, les facteurs de risque pour le *spillover* d'EBOV sont des facteurs qui promouvraient le contact entre l'espèce réservoir et/ou espèces intermédiaires et l'homme dans des périodes où le virus est susceptible d'être transmis. Donc, le risque général de *spillover* d'EBOV peut varier dans le temps et dans l'espace selon l'interaction entre les différents facteurs qui influencent ce risque.

Des facteurs climatiques, environnementaux, culturels et de l'écologie du virus et des espèces hôtes (réservoirs et intermédiaires) sont potentiellement impliqués dans ce risque, et différents facteurs peuvent jouer un rôle à différents moments. Par exemple, certaines études suggèrent un rôle plus important de la distribution et la structure des communautés de mammifères (hôtes du virus) qu'aux autres types de variables (Olivero, Fa, Real, Farfán, *et al.*, 2017 ; Murray *et al.*, 2015 ; Pigott *et al.*, 2014). Cependant, la présence d'espèces potentiellement impliquées dans le *spillover* d'EBOV et leur probabilité de contact avec la population humaine sont influencées par d'autres facteurs. La productivité de la forêt, la couverture forestière et notamment la fragmentation de celle-ci due à l'agriculture ou à autres activités humaines ont été signalées comme facteurs importants pour le *spillover* d'EBOV (Olivero, Fa, Real, Márquez, *et al.*, 2017 ; Rulli *et al.*, 2017 ; Schmidt *et al.*, 2017 ; Pigott *et al.*, 2014 ; Walsh & Haseeb, 2015 ; Judson *et al.*, 2016).

Les activités humaines jouent évidemment un rôle considérable dans le risque de transmission d'EBOV par des animaux. La viande de brousse est la principale source de protéine animale et une source importante de revenu familial en Afrique Centrale et de l'Ouest (Nasi *et al.* 2008). Notamment, le patient zéro dans plusieurs épidémies d'Ebola en Afrique Centrale a été un chasseur et la source potentiel du virus dans ces cas et d'autres a été une carcasse d'animal sauvage (Judson *et al.*, 2016). Les chauves-souris pourraient transmettre le virus non seulement par la consommation de leur viande, mais aussi par le contact avec leur urine ou fèces (Plowright *et al.*, 2015) ou même par la consommation de fruit contaminé avec leur salive, urine ou fèces (Pourrut *et al.*, 2005).

Il est possible que le risque de *spillover* d'EBOV présente une certaine saisonnalité. Des facteurs climatiques tels que la précipitation ou la température ont été signalés comme importants pour le risque de transmission (Schmidt *et al.*, 2017 ; Nyakarahuka *et al.*, 2017 ; Walsh & Haseeb, 2015 ; Judson *et al.*, 2016). La probabilité de risque de *spillover* pourrait être plus élevée lors de la saison sèche à cause d'une concurrence entre les chauves-souris et les primates pour l'accès aux fruits dont ils se nourrissent (Pourrut *et al.*, 2007), ou bien lors de la période de migration des espèces hôtes (Leroy *et al.*, 2009). De la même manière, la quantité du virus circulant dans une population de chauves-souris peut varier selon la période du cycle reproductif de l'espèce ou à cause d'autres

phénomènes impactant la réponse immunitaire de l'hôte et/ou la réplication du virus (Pourrut *et al.*, 2007 ; Plowright *et al.*, 2015). Finalement, des changements dans le comportement humain peuvent aussi entraîner une différence dans la probabilité d'infection en différentes saisons, par exemple si l'effort de chasse, la quantité de viande de brousse consommée ou les espèces chassées changent selon la saison (Drame, 2018).

1.4 Evaluation multicritère spatialisée

L'évaluation multicritère spatialisée (GIS-MCE pour son abréviation en anglais) est un outil d'aide à la décision qui intègre les techniques d'une analyse de décision multicritère (MCDA) dans un système d'information géographique (GIS) pour essayer de trouver les solutions les plus appropriées à un problème spatial donné pour lequel il existe de multiples critères d'analyse et les alternatives de décision qui peuvent être opposées (Carver, 1991 ; Malczewski, 1999). Dans le MCE il y a un seul objectif est donc une seule alternative de décision.

Les composantes d'un MCDA sont (Malczewski, 1999) :

- Objectif : la problématique doit être définie et structurée, c'est à dire que les objectifs et les intérêts des décideurs doivent être clairs.
- Décideurs (ou experts) : sont les personnes (ou groupes) qui sont impliquées dans le processus de décision. Chacun d'eux a ses propres préférences par rapport aux critères d'évaluation.
- Critères d'évaluation : ces critères sont les bases sur lesquels les décideurs vont évaluer les alternatives de décision.
- Les alternatives de décision : les différentes valeurs que les critères de décision peuvent porter. Chaque décideur classe les différents critères selon leur préférence ; en effet un poids est attribué à chaque critère selon l'importance que le décideur lui donne par rapport aux autres critères pour atteindre l'objectif souhaité.
- Les résultats ou conséquences associés à chaque critère et alternative de décision.

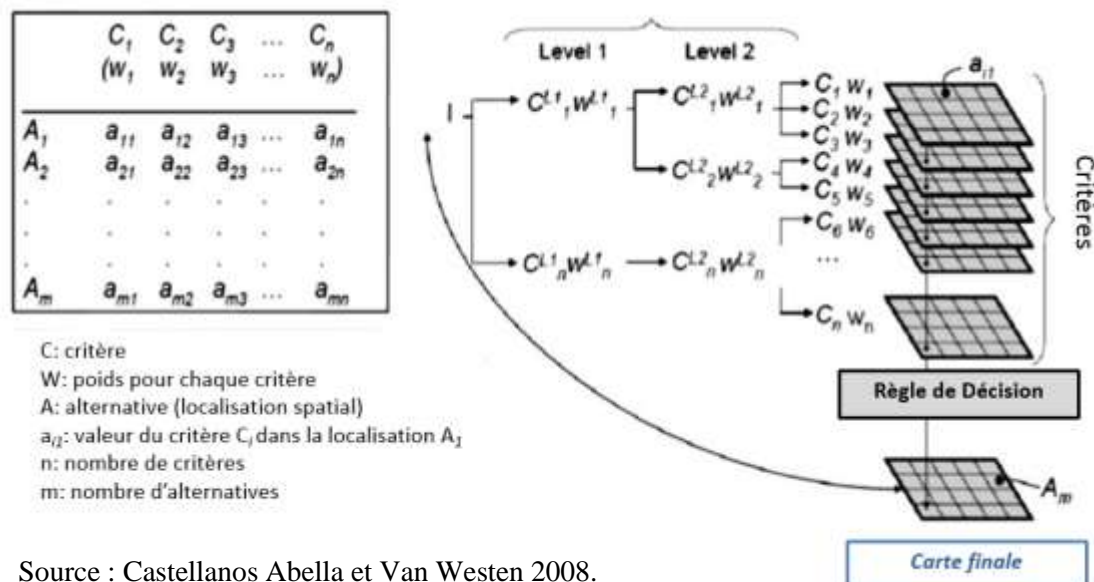
Une fois la problématique définie, les experts identifient les critères à prendre en compte et leur assignent un poids. Les critères sont agrégés en utilisant une règle de décision ; de cette manière les alternatives générées contiennent l'information de préférence donnée par les experts. Une analyse de sensibilité permet de tester la robustesse de la classification des critères (i.e. si le résultat change quand on utilise d'autres critères ou quand les poids assignés sont modifiés) avant d'émettre une recommandation (i. e. prendre une décision) (Chakhar & Mousseau, 2008).

Dans le contexte d'un problème spatial, les critères de décision sont associés avec des entités géographiques, en prenant en compte les relations entre ces entités. En effet les critères sont représentés en forme de cartes ; par exemple sous la forme de couches raster dont chaque pixel représente une valeur du critère (par ex. mm de précipitation ou présence/absence d'une certaine

espèce). Chaque alternative est décrite par sa localisation dans l'espace (coordonnées) et par les valeurs des critères (valeur du pixel). Ainsi, chaque valeur du critère X_{ij} représente la valeur du critère j dans l'alternative (spatiale) i . Les données d'entrée sont organisées en forme de matrice où les lignes représentent la localisation et les colonnes la valeur du critère, chaque colonne représentant un critère différent (Malczewski, 1999) (Fig. 2).

Souvent, les critères sont mesurés en unités différents, donc il est nécessaire de standardiser tous les critères pour pouvoir les comparer. Une fois les critères standardisés, ils sont multipliés par le poids donné par les experts (Carver, 1991). Dans le GIS-MCDA cela veut dire que chaque pixel du raster représentant un critère sera multiplié par le poids affecté à ce critère (hiérarchisation). Les cartes représentant les différents critères, normalisés et hiérarchisés, sont ensuite agrégés pour produire la carte final (Fig. 2).

Figure 2. Procédure schématique du GIS-MCE



Source : Castellanos Abella et Van Westen 2008.

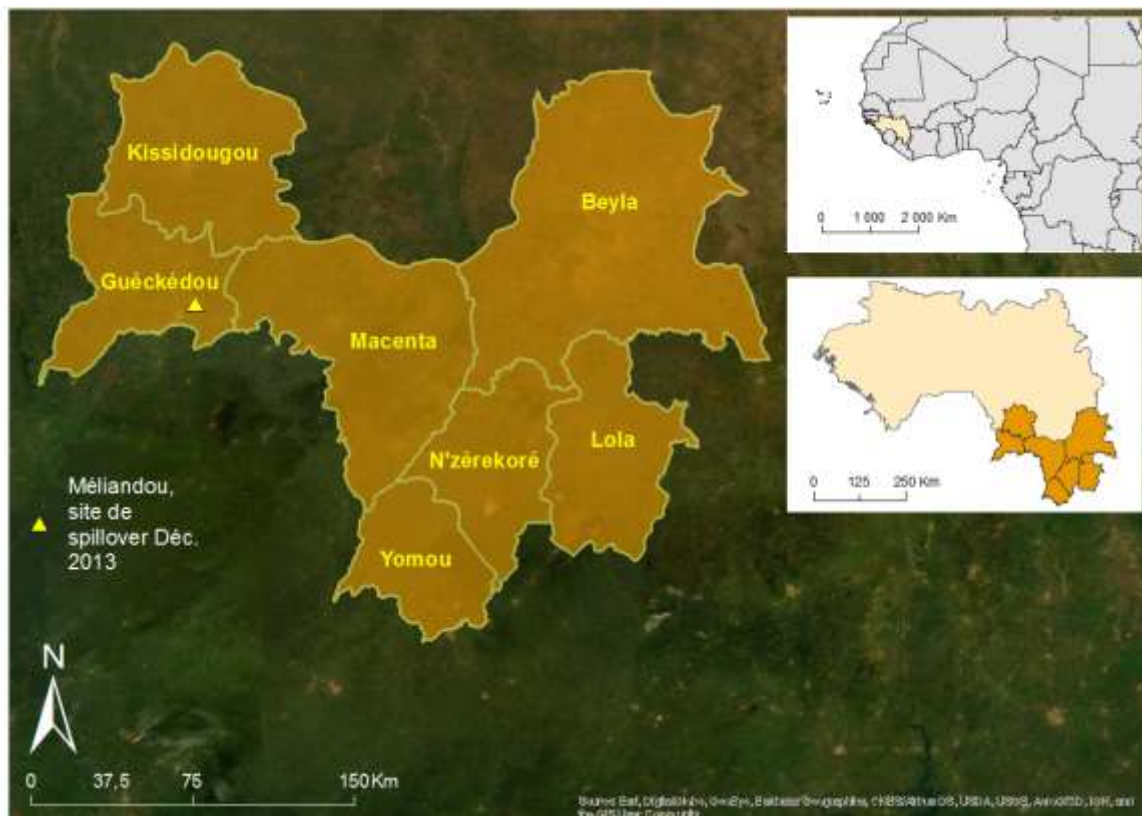
Le GIS-MCE est un outil adapté pour la cartographie de risque de maladies quand il y a un manque des données épidémiologiques. Il se base sur la connaissance et l'avis des experts et donc les résultats issus restent jusqu'à un certain point subjectifs ; néanmoins, les cartes produites peuvent être utilisées pour planifier des stratégies de surveillance ou d'intervention (Tran *et al.*, 2016 ; Clements & Pfeiffer, 2009). Elle est une méthode pertinente pour cartographier le risque de *spillover* en Guinée où les données épidémiologiques sont presque inexistantes, mais le risque et conséquences d'une autre épidémie Ebola sont peut-être élevées.

2. Matériel et Méthodes

2.1 Zone d'étude

Cette étude est focalisée sur la Guinée forestière, une des régions de Guinée et qui comprend sept préfectures (Kissidougou, Guéckédou, Macenta, Beyla, Lola, N'Zérékoré et Yomou). Le village de Méliandou, site du premier cas d'Ebola identifié en Guinée, se trouve dans la préfecture de Guéckédou (Fig. 3). Les forêts de la Guinée forestière sont principalement des forêts humides à feuilles persistantes. Le climat est équatorial humide avec des pluies saisonnières intenses. Les températures varient entre 30 et 33°C pendant la saison de pluie et entre 12 et 21°C durant la saison sèche. Les activités anthropiques, principalement la déforestation et la chasse de la viande de brousse, menacent les forêts de la Guinée et des pays voisins, et par conséquent des forêts secondaires dégradées sont de plus en plus le type de végétation dominant dans la région (WWF, 2019 ; Wilson, 1992).

Figure 3. Zone d'étude : Guinée forestière en Guinée, Afrique de l'Ouest.



Fonds de carte: Esri, DigitalGlobe ; GeoEye ; Earthstar Geographics ; CNES/Airbus DS, USDA, USGS, AeroGRID, IGN, and GIS User Community.

2.2 Sélection des critères de risque de *spillover* d'EBOV

Les critères de risque de *spillover* de virus Ebola ont été identifiés à partir d'une revue bibliographique. Une recherche sur Web of Science avec les mots clés « ebola », « ecolog* » et « spillover » entre 1990 et 2019 a permis de sélectionner 22 articles. Pour obtenir plus de résultats une autre recherche a été réalisée sur Google Scholar avec les mots clés « ebola », « zaire », « ecology », « spillover » et « risk » pour la même période. Des 1950 résultats obtenus, seulement les premiers 150 ont été étudiés car ensuite les résultats devenaient moins pertinents pour la question de recherche.

Quatre types de facteurs ont été identifiés comme importants pour le risque de *spillover* de virus Ebola : 1) la présence d'**espèces** potentiellement réservoirs ou impliquées dans la transmission du virus aux humains, 2) les facteurs **environnementaux** associés à la probabilité de contact entre les animaux sauvages et la population humaine, 3) les facteurs **climatiques** potentiellement associés à la dynamique du virus ou à l'écologie des hôtes, et 4) les facteurs de risque liés à la consommation et la commercialisation de la **viande de brousse**, notamment à la chasse de celle-ci (Tableau 1 et Section 1.3).

Un questionnaire a été conçu pour consulter des experts de façon qu'ils puissent classer chaque facteur de risque selon l'importance relative par rapport aux autres facteurs. Le questionnaire a été envoyé à 26 experts dont seulement 5 ont répondu. En vue de ce faible taux de réponse, la hiérarchisation des facteurs de risque a été faite à partir de la revue bibliographique (Section 2.4).

2.3 Traitement de données

Chaque facteur de risque a une variable associée qui est utilisée dans le GIS-MCE (Tableau 2). Pour l'application de la méthode, toutes les données doivent être en format raster et dans la même résolution (une résolution de 1 km pour la taille du pixel a été adoptée pour cette étude.). Les données téléchargées étaient en format raster ou en forme de fichier de couche avec des résolutions spatiales et temporelles différentes (Tableau 2), donc des prétraitements ont été réalisés. De plus, pour certains facteurs de risque, l'estimation de la variable associée a été nécessaire. Les prétraitements et calculs réalisés pour l'obtention des variables ainsi que les sources de données utilisées sont détaillés dans l'Annexe 1. Une fois toutes les couches rasters obtenues, elles ont été standardisées dans une échelle continue entre 0 et 1 en utilisant l'équation :

$$X^{S_{i,j}} = \frac{(X_{i,j} - \min_j)}{(\max_j - \min_j)}$$

où $X_{i,j}$ est la valeur du facteur de risque j dans le pixel i , $X^{S_{i,j}}$ est la valeur standardisée et \min_j et \max_j sont les valeurs minimale et maximale du facteur de risque j .

La possibilité de *spillover* d'EBOV peut augmenter ou diminuer selon les différents facteurs. Par exemple on présume que la probabilité de *spillover* d'EBOV est plus élevée dans des zones avec plus de couverture forestière jusqu'à un certain seuil après lequel la probabilité diminue - dans les zones vastes de forêt on suppose une plus faible présence humaine et donc une plus faible probabilité de contact entre les animaux sauvages et les humains. Cette relation entre chaque facteur et la probabilité de *spillover* peut être décrite sous la forme d'une fonction. Un choix entre 10 types de fonction a été réalisé pour chaque facteur sur base de la revue bibliographique (Annexe 1, Tableau A1.3, Fig. A1.1).

L'application de la fonction sélectionnée à chaque raster a permis l'obtention d'une carte finale pour chaque facteur de risque et pour chaque groupe d'espèces (Annexe 1, Figs. A1.2.1-A1.2.3, Fig. A2.1).

Les logiciels ESRI ArcMap 10.4.1 et R version 3.5.3 ont été utilisés pour tout le traitement des données et la production des cartes.

2.4 Calcul de poids des facteurs de risque

La hiérarchisation des facteurs de risque de *spillover* d'EBOV est complexe car des interactions entre les différents types de facteurs existent très probablement, mais nos connaissances de ces interactions et des détails de la transmission du virus des animaux aux humains en général sont limitées. C'est pourquoi nous avons favorisé le calcul des poids en comparant les facteurs de risque indépendamment dans les quatre catégories de facteurs identifiés : espèces impliquées, facteurs environnementaux, facteurs climatiques et facteurs liés à la commercialisation et consommation de la viande de brousse. Au sein de chaque catégorie de risque, sauf pour les espèces, chaque facteur a été comparé avec les autres en utilisant une échelle de 5 points (beaucoup moins important, moyennement moins important, d'importance égale, moyennement plus important et beaucoup plus important) pour obtenir une matrice de comparaison (Saaty, 2005). Pour ces comparaisons par paire, nous avons pris en compte le nombre de fois où le facteur est apparu dans la bibliographie et la valeur de P ou le % explicatif du modèle décrit dans chaque article (Tableau 1). Les facteurs qui ont été reportés comme importants plus souvent et avec un niveau de probabilité plus élevé ont été considérés comme plus importants (Stevens *et al.*, 2013). Différentes études ont utilisé des facteurs de risque similaires, mais pas nécessairement le même (par ex. EVI et NDVI), donc nous avons regroupé les facteurs de risque similaires pour les compter comme un seul facteur. Les facteurs de risque et leur niveau de probabilité sont détaillés dans le Tableau 1.

Le poids de chaque facteur a été obtenu à partir de cette matrice grâce à un processus de hiérarchie analytique (Saaty, 2005 ; Malczewski, 1999). Les matrices de comparaison et les poids obtenus sont présentés dans l'Annexe 2.

Tableau 1. Facteurs de risque de *spillover* du virus Ebola. Des facteurs similaires (entre parenthèses) ont été considérés comme un seul pour le classement relatif des facteurs. Dans certains articles le seuil de signification des facteurs de risque n'était pas spécifié.

	<i>Facteur de risque</i>	<i>Nombre de fois testé</i>	<i>Probabilité - valeur P ou (% expliqué dans le modèle)</i>	<i>Référence</i>
<i>Présence d'espèces réservoir ou impliquées dans le spillover</i>	Répartition d'espèces	NA	NA	
	Couverture forestière (forêt tropicale, forêt à feuilles persistantes, MGVF *)	4	0.005 ; <0.01 ; 0.0007	Rulli <i>et al.</i> 2017; Walsh <i>et al.</i> 2015; Olivero <i>et al.</i> 2017; Judson <i>et al.</i> 2016
<i>Facteurs environnementaux</i>	Terres agricoles	0		
	Ratio terres agricoles : couverture forestière †	1	<0.01	Olivero <i>et al.</i> 2017
	Déforestation (fragmentation de la forêt ; changement dans la fragmentation)	3	0.006 ; 0.03 ; 0.00003	Rulli <i>et al.</i> 2017; Olivero <i>et al.</i> 2017
	Productivité paysagère (i. e. activité chlorophyllienne ; NDVI, EVI)	4	(0.65)	Pigott <i>et al.</i> 2014; Schmidt <i>et al.</i> 2017; Pinzon <i>et al.</i> 2004; Tucker <i>et al.</i> 2002
	Distance aux rivières ^δ	0	NA	Walsh <i>et al.</i> 2005
	Distance aux chemins	2	0.01	Schmidt <i>et al.</i> 2017; Olivero <i>et al.</i> 2017
	Densité de population humaine	4	0.01 ; <0.0001 ; 0.01	Olivero <i>et al.</i> 2017; Schmidt <i>et al.</i> 2017; Walsh & Haseeb 2015; Rulli <i>et al.</i> 2017
<i>Facteurs climatiques</i>	Plage de température annuelle	2	<0.01	Olivero <i>et al.</i> 2017; Judson <i>et al.</i> 2016
	Température moyenne annuelle	2	<0.001 ; (2.1)	Walsh & Haseeb 2015; Nyakarahuka <i>et al.</i> 2017
	Précipitation moyenne mensuelle	1	NA	Judson <i>et al.</i> 2016
<i>Facteurs associés à la viande de brousse</i>	Aires de chasse de viande de brousse			
	Commercialisation de la viande de brousse	1	0.012	Judson <i>et al.</i> 2016
	Présence d'animaux domestiques ^v	0	NA	NA

*MGVF : Maximum green végétation fraction

† Olivero *et al.* ont considéré le ratio couverture forestière : terres agricoles. Ici le ratio terres agricoles : couverture forestière a été calculé pour réduire au maximum les cellules NoData dans le raster, car plus de 50% de la surface de la zone d'étude en Guinée forestière n'avait pas de terres agricoles.

δ La distance aux rivières a été considérée comme un facteur de risque parce que les rivières sont un facteur important pour la présence de chauves-souris (Herkt *et al.* 2016)

γ Même si les animaux domestiques n'ont pas été considérés comme un facteur de risque dans la bibliographie, 4 de 5 experts ayant répondu au questionnaire les ont considérés comme un facteur de risque.

Tableau 2. Facteurs de risque identifiés et leurs variables associées dans chaque catégorie de risque.

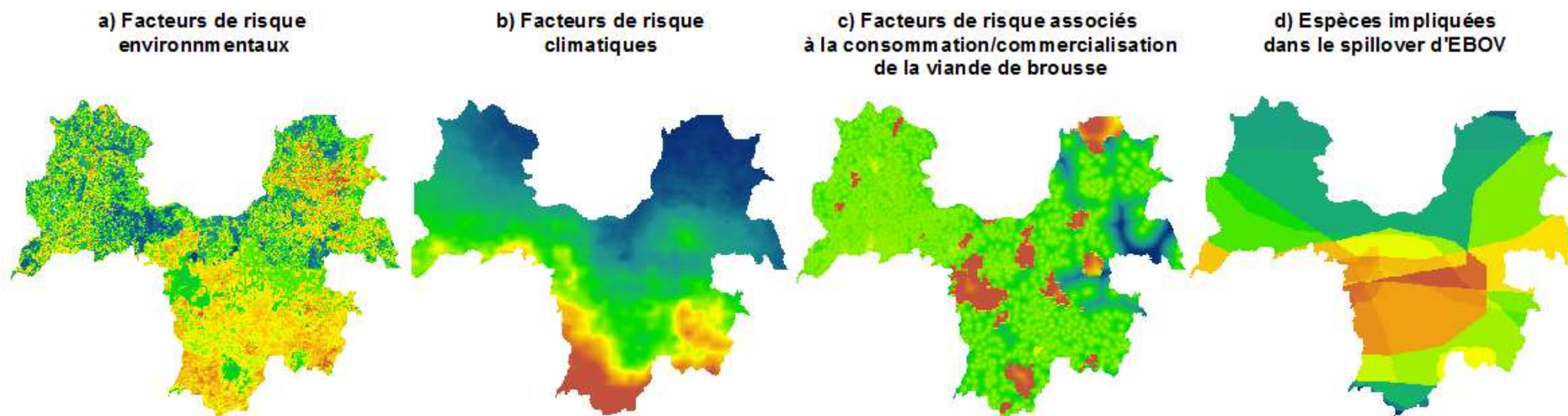
	<i>Facteur de risque</i>	<i>Variable</i>	<i>Résolution spatiale</i>	<i>Résolution temporelle</i>
<i>Présence d'espèces réservoir ou impliquées dans le spillover</i>	Répartition d'espèces*	Binomial pour présence/absence de l'espèce	NA	Estimation unique (dernière estimation entre 2008 et 2016 selon l'espèce)
	Couverture forestière	% de couverture forestière	1km	Estimation unique de % de couverture d'occupation de sol à partir de plusieurs bases de données datant entre 1998 à 2012
	Terres agricoles	% de terres agricoles		
	Ratio terres agricoles : couverture forestière	% terres agricoles / (%terres agricoles + % couverture forestière)		
	Déforestation	Binomial pour perte ou pas de couverture forestière	30m	Perte de couverture forestière estimée entre 2001 et 2012
	Productivité paysagère	NDVI	1km	Mensuelle
	Distance aux rivières*	Distance euclidienne	NA	NA
	Distance aux chemins*	Distance euclidienne	NA	NA
	Densité de population humaine	Nb. de personnes estimé par pixel en 2013	100m	Annuelle
	Plage de température annuelle	Température maximale (Tmax) et minimale (Tmin)	0.25°	Tmax et Tmin tous les 10 jours
<i>Facteurs climatiques</i>	Température moyenne annuelle	Température moyenne annuelle	1km	Température journalière tous les 8 jours
	Précipitation moyenne mensuelle	Précipitation moyenne mensuelle	5km	Mensuelle

Tableau 2 (continuation)

	<i>Facteur de risque</i>	<i>Variable</i>	<i>Résolution spatiale</i>	<i>Résolution temporelle</i>
<i>Facteurs associés à la viande de brousse</i>	Aires de chasse de viande de brousse*	Forêts classés (Guinée) Aires sous pression de la chasse (Congo)	NA	NA
	Commercialisation de la viande de brousse*	Distance euclidienne aux villages	NA	NA
	Présence d'animaux domestiques*	Distance euclidienne aux villages	NA	NA

* Fichier de forme qui a été transformé au format raster (Annexe 1)

Figure 4. Cartes de facteurs de risque de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière. Une carte par type de facteur de risque est présentée, ainsi que la carte d'espèces impliquées. Les zones tendant vers le rouge sont des zones considérées comme plus favorables au *spillover* d'EBOV.



Pour le classement des espèces, quatre groupes d'espèces potentiellement impliqués dans le *spillover* d'EBOV ont été considérés : les chauves-souris frugivores, les chauves-souris insectivores, les céphalophes et les primates. Pour les chauves-souris, nous avons considéré comme plus importantes pour la transmission du virus les espèces pour lesquelles des séquences virales ont été détectées lors de campagnes d'échantillonnage, suivies de celles qui ont été testées positives pour la présence d'anticorps contre le virus (Olival & Hayman, 2014 ; Leroy *et al.*, 2005 ; De Nys *et al.*, 2018 ; Swanepoel *et al.*, 1996 ; Kupferschmidt, 2019). La transmission du virus par les céphalophes et les primates est plus probablement liée à des espèces susceptibles à l'infection du virus qui sont chassées ou trouvées dans la forêt puis consommées. Parmi les céphalophes, le céphalophe à bande dorsale (*Cephalophus dorsalis*) a été considéré comme plus important pour la transmission du virus que les autres espèces car une carcasse a été trouvée positive pour *Ebolavirus* (Rouquet *et al.*, 2005). Dans le cas de primates, des carcasses de gorilles et de chimpanzés ont été testées positives pour *Ebolavirus* (Rouquet *et al.*, 2005). De plus, des carcasses de ces espèces ont été mentionnées comme source potentiel d'infection dans plusieurs cas d'infection humaine (Judson *et al.*, 2016), et des taux élevés de mortalité ont été associés chez ces espèces à l'infection par Ebola (Huijbregts *et al.*, 2003 ; Leroy *et al.*, 2004). Donc nous les avons considérées comme plus importantes que le hocheur (*Ceropithecus nictitans*) qui a aussi été associé à des cas d'infection (Boumandouki *et al.*, 2005).

Pour produire les cartes des quatre groupes d'espèces (Annexe 2, Fig. A2.1), la carte de répartition de chaque espèce a été multipliée par l'importance relative donnée à l'espèce, avant de calculer la moyenne des cartes de répartition des espèces dans chaque groupe.

Finalement, nous avons considéré que la probabilité de *spillover* d'EBOV n'est pas la même pour les quatre groupes d'espèces. En général, les chauves-souris ont été considérées comme plus importantes pour le risque de *spillover* d'EBOV que les primates et les céphalophes. Les espèces prises en compte pour cette étude, l'importance relative donnée et la matrice de comparaison entre les quatre groupes sont présentées dans l'Annexe 2.

2.5 Création des cartes de favorabilité de *spillover* d'EBOV

Quatre cartes ont été produites, une pour chaque catégorie de facteurs de risque (environnementaux, climatiques, liés à la consommation de viande de brousse) et une pour les espèces. Chacune de ces cartes est le résultat de la somme des facteurs associés dans chaque catégorie multiplié par leur poids correspondant. Ainsi chaque pixel dans chacune de ces quatre cartes représente la favorabilité de la zone au *spillover* d'EBOV selon les facteurs de risques compris dans la catégorie ou selon les espèces présentes et, pour la carte d'espèces, leur probabilité présumée de transmettre le virus.

Finalement, ces quatre cartes ont été combinées pour produire la carte finale de favorabilité de *spillover* d'EBOV. Pour cette carte, nous avons considéré que les trois catégories des facteurs de risque et les espèces influencent de façon similaire la favorabilité de *spillover* d'EBOV (Annexe 3, Fig. A3.1).

2.6 Validation de la méthode

Pour évaluer la pertinence des cartes produites pour la Guinée forestière, nous avons utilisé des données de chauves-souris qui ont été testées pour la présence d'anticorps d'*Ebolavirus* (De Nys *et al.*, 2018). Dans cette étude quatre antigènes ont été utilisés pour évaluer la présence d'anticorps contre le virus et quatre méthodes statistiques différentes pour déterminer la valeur limite (cutoff) pour chaque antigène. Pour la validation de la carte de favorabilité de *spillover*, nous avons utilisé la localisation des chauves-souris qui ont été testées positives pour au moins un *Ebolavirus* (i.e. *Zaire*, *Sudan*, *Budibugyo* ou *Reston Ebolavirus*) avec la méthode statistique la moins stricte des quatre utilisées, afin d'avoir un jeu de données le plus important possible. Avec cette méthode statistique 734 échantillons d'un total de 4022 ont été testés positifs (De Nys *et al.* 2018), dont 34 échantillons positives sur un total de 128 pour notre zone d'étude.

En Afrique Centrale, plusieurs cas de *spillover* ont été documentés. Cela nous a permis d'évaluer la pertinence des cartes produites avec le GIS-MCE dans une région d'Afrique Centrale où la localisation des cas de *spillover* est connue. Nous avons choisi une région de la République du Congo avec une surface de taille similaire à celle de la Guinée forestière et où 8 cas de *spillover* ont été documentés entre 2001 et 2003 (Schmidt *et al.*, 2017 ; Judson *et al.*, 2016 ; Walsh & Haseeb, 2015). Ainsi, une carte de favorabilité de *spillover* d'EBOV a été produite suivant le même processus que pour la carte de la Guinée forestière. Les données de cas de *spillover* reportés dans cette région nous a permis d'évaluer la pertinence des cartes produites.

3. Résultats

3.1 Cartes de favorabilité de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière

3.1.1 *Carte de favorabilité de spillover d'EBOV pour décembre 2013*

La Fig. 4. (a-d) montre les cartes pour chaque type de facteur de risque et la carte d'espèces impliquées dans le *spillover* d'EBOV. En général, des zones favorables au *spillover* d'EBOV selon les critères environnementaux se trouvent dans la moitié sud de la Guinée forestière (Fig. 4a), où on trouve une couverture forestière plus importante grâce en partie à l'existence de zones protégées comme la réserve de Diéké et la forêt classée de Ziamia. Des régions de favorabilité élevée, mais plus fractionnées sont aussi présentes au nord, notamment dans des zones qui ont subi de la déforestation (Annexe 1, Fig. A1.2.1). Selon les facteurs de risque climatiques (Fig. 4b), la favorabilité de *spillover* est plus élevée vers le sud et diminue progressivement vers le nord, principalement à cause de la précipitation, le facteur considéré le plus important parmi les critères climatiques, plus élevée dans le sud que dans le nord (Annexe 1, Fig. A1.2.2). En ce qui concerne les critères associés à la viande de brousse (Fig. 4c), la favorabilité de *spillover* est plus élevée dans les aires considérées comme aires de chasse, ensuite la favorabilité est moyenne dans presque tout le reste de la région dû à la présence des villages distribués sur pratiquement toute la région (Annexe 1, Fig. A1.2.3).

La combinaison des différentes cartes de facteur de risque a donné la carte finale de risque de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière en décembre 2013, date du premier cas d'Ebola dans cette région. Les zones les plus favorables à la transmission du virus Ebola des animaux aux hommes se trouvent au milieu de la Guinée forestière, vers l'ouest et sud-ouest (Fig. 5). Cela est dû à la combinaison des facteurs dans cette zone : la présence d'espèces potentiellement plus importantes pour la transmission du virus, et les facteurs environnementaux et climatiques qui montrent une favorabilité plus élevée dans ces parties de la Guinée forestière. Il faut noter aussi que dans ces régions il y a des zones de favorabilité plus élevée qui correspondent aux réserves ou forêts classées qui ont été considérées importantes d'une part par leur couverture forestière et d'autre part comme aires de chasse de la viande de brousse. Notamment le site de *spillover* de l'épidémie en Afrique de l'Ouest se trouve dans une zone de favorabilité moyenne et pas dans une zone de favorabilité élevée (Annexe 4, Fig. A4.1).

3.1.2 Cartes de favorabilité de *spillover* d'EBOV par groupe d'espèce

La favorabilité de *spillover* d'EBOV change en fonction du groupe d'espèces qu'on considère comme important pour la transmission du virus (Annexe 4, Fig. A4.2. a-d). Par exemple les primates et les céphalophes seraient plus importantes dans le ouest et le sud de la Guinée forestière, tandis que les chauves-souris, particulièrement les insectivores, seraient importantes pour la favorabilité de *spillover* aussi dans la région du centre. Notamment, les zones au nord-ouest et au nord-est deviennent plus favorables au *spillover* si nous considérons les chauves-souris frugivores comme espèce de transmission du virus.

3.1.3 Série temporelle de risque de *spillover* d'EBOV

Nous avons produit une carte de risque de *spillover* d'EBOV par mois pour l'année 2013 pour évaluer la temporalité du risque. La variation dans ces cartes provient de la variation du NDVI et de la précipitation, les seuls facteurs qui ont changé dans le MCE chaque mois (voir Tableau 2). Une certaine saisonnalité dans le risque de *spillover* est visible dans ces cartes (Annexe 4, Fig. A4.3) ; par exemple lors de la saison de pluie, et notamment pendant les mois de juillet et août, deux des mois les plus humides (Annexe 4, Tableau A4.1), les zones les plus favorables au *spillover* se concentrent sur la partie ouest de la Guinée forestière. Cependant, il n'y a pas des différences très remarquables dans la distribution des zones de favorabilité de *spillover* entre janvier et septembre, le mois le plus sec et le plus humide, respectivement. Finalement, la zone où le *spillover* a eu lieu en décembre 2013 apparaît plus favorable à la transmission du virus lors de la saison de pluie (du mai à novembre) que de la saison sèche.

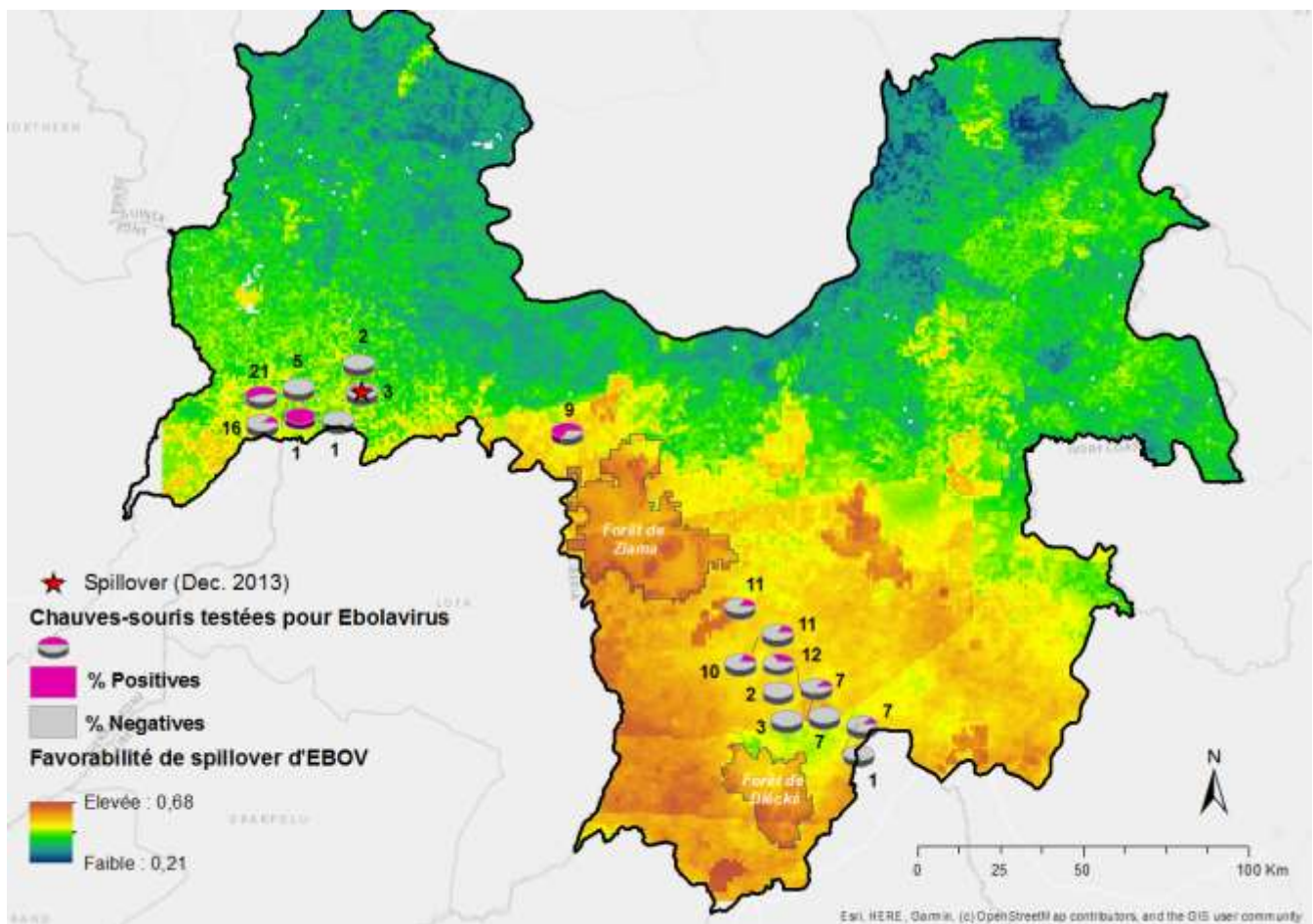
3.2 Validation

3.2.1 Chauves-souris testées pour Ebolavirus en Guinée forestière

Les seules données à notre disposition pour évaluer la validité des cartes produites pour la Guinée forestière sont des données de chauves-souris échantillonnées en décembre 2016 et mars 2017 pour évaluer la présence d'anticorps contre le virus Ebola en Guinée forestière. De 128 chauves-souris échantillonnées, 34 (27 %) ont

été testées positives pour au moins un des virus Ebola (*Zaire*, *Sudan* ou *Reston Ebolavirus*). La Fig. 5 montre le pourcentage de chauves-souris positives et négatives dans chaque site d'échantillonnage sur la carte de favorabilité de *spillover* d'EBOV. La valeur du pixel des zones où au moins une chauve-souris a été testée positive pour *Ebolavirus* a tendance à être plus élevée que la valeur du pixel des zones où aucune chauve-souris n'a été testée positive (Fig. 6). Néanmoins, en regardant la distribution des valeurs des pixels des cartes pour décembre et mars séparément, nous apercevons que les sites où des chauves-souris ont été testées positives pour anticorps contre *Ebolavirus* se situent dans des zones de favorabilité de *spillover* plus élevée seulement en décembre (Annexe 4, Fig. A4.1).

Figure 5. Carte de risque de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière en décembre 2013, toutes espèces confondues. Le nombre total de chauves-souris échantillonnées en décembre 2016 et mars 2017 est indiqué pour chaque site. Les chauves-souris ont été testées pour la présence d'anticorps contre *Zaire*, *Sudan* et *Reston Ebolavirus*. Ont été considérées comme positives les chauves-souris ayant été testées positives pour au moins un *Ebolavirus*.

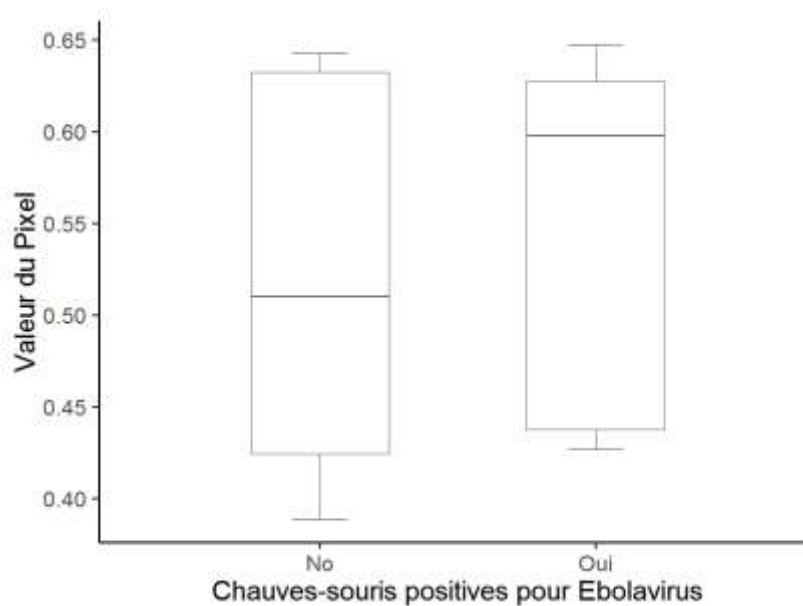


3.2.2 Cartes de favorabilité du Congo

De 58 événements de *spillover* d'EBOV en Afrique Centrale, huit ont eu lieu en République du Congo entre 2001 et 2003, pays choisi pour la validation de la méthode. Nous avons construit des cartes de favorabilité de

spillover d'EBOV dans cette région pour juin 2001 et juin 2003 (Fig. 7a,b) . Ces cartes montrent que même si, en général, les zones de favorabilité sont similaires dans les deux années, il y a des variations dans certaines régions. Par exemple, la zone de favorabilité est plus grande vers l'est de la région cartographiée en 2001 qu'en 2003, tandis que la zone de favorabilité au nord est plus conséquente en 2003. Notamment, les événements de *spillover* sont localisés sur des aires favorables à la transmission du virus des animaux aux hommes et les valeurs des pixels des sites associés aux *spillovers* se trouvent sur la moitié supérieure de la distribution des valeurs de pixels dans ces cartes (Fig. 8).

Figure 6. Boîte à moustache des valeurs de pixels dans les sites où au moins une chauve-souris a été testée positive pour la présence d'anticorps contre au moins un *Ebolavirus* (*Sudan*, *Zaire* ou *Reston Ebolavirus*) et dans les sites où aucune chauve-souris n'a été testée positive en Guinée forestière. La médiane, le 1^{er} et 3^{ème} quartile, et les valeurs minimale et maximale (*i.e.* ± 1.5 la distance interquartile) sont représentés par la ligne, les limites de la boîte et les extrémités des moustaches respectivement



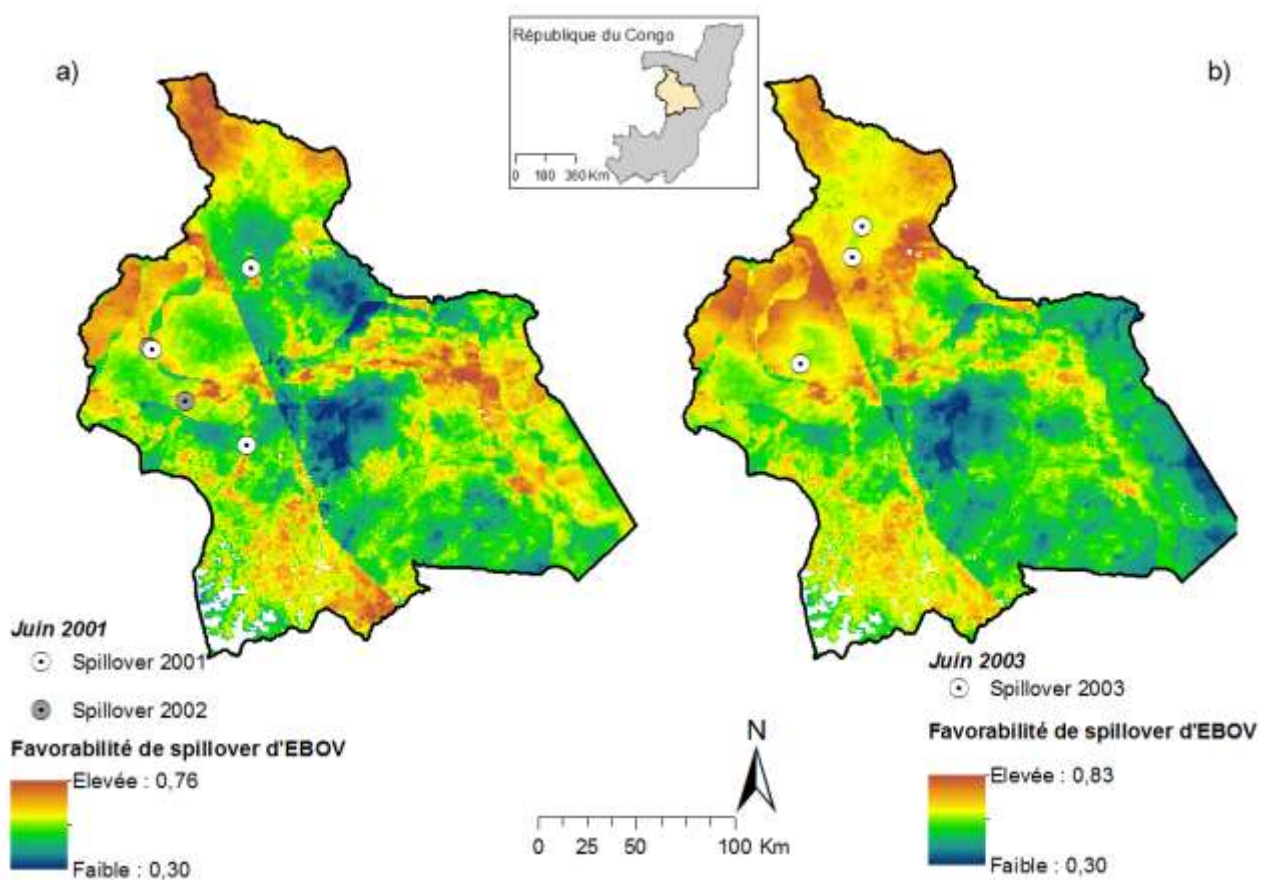
4. Discussion

Le MCE est un outil qui se base sur les informations existantes, parfois contradictoires, sur une problématique pour laquelle une solution est cherchée. Dans le cas de notre étude, nous nous sommes basés sur les études précédentes pour choisir les facteurs de risque de *spillover* d'EBOV et leur donner un poids relatif. Cependant, la plupart de ces études ont identifié des facteurs de risque en général pour tous les Ebolavirus pathogènes aux humains et pas seulement pour EBOV. Il est probable que les niches écologiques de différentes espèces de virus Ebola soient distinctes (Judson *et al.*, 2016), et que les facteurs impliqués dans la transmission d'une espèce de virus Ebola et leurs interactions varient d'une espèce à l'autre, donc il faut interpréter nos résultats avec beaucoup de précaution.

La carte finale de favorabilité montre que la moitié sud de la Guinée forestière serait plus favorable au *spillover* d'EBOV. Dans cette zone coïncide une favorabilité entre moyenne et élevée des facteurs de risque environnementaux, climatiques et des espèces impliquées. Nous avons donné la même importance aux quatre

catégories des facteurs de risque ; néanmoins il est possible que l'importance des facteurs diffère. Par exemple, certains modèles donnent plus d'importance à la distribution d'espèces qui potentiellement transmettraient le virus qu'aux variables environnementales (Olivero, Fa, Real, Farfán, *et al.*, 2017). De plus, les facteurs impliqués et leur importance relative dans le spillover d'EBOV peut varier selon le contexte et selon l'espèce impliquée. Nos cartes montrent que les zones avec une couverture forestière plus dense seraient plus importantes pour une transmission du virus par des animaux associés à la consommation de la viande de brousse, comme les primates et céphalophes, tandis que des zones partiellement déboisées et avec des terres agricoles seraient aussi des zones à risque de *spillover* par les chauves-souris.

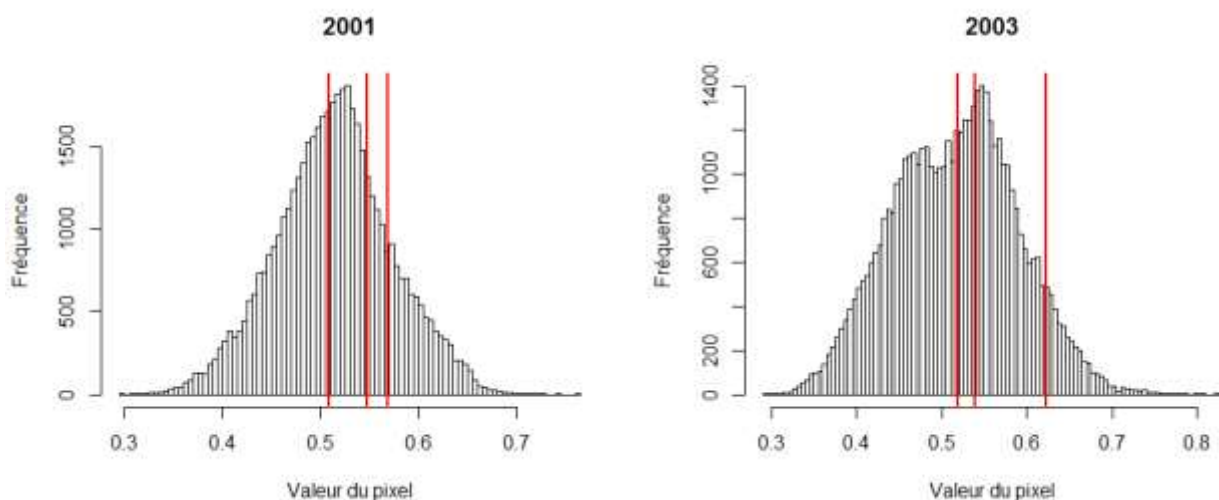
Figure 7. Cartes de favorabilité de *spillover* d'EBOV au Congo. Les deux cartes correspondent au mois de juin en 2001 (a) et en 2003 (b). (La ligne qui semble diviser les cartes à la moitié est résultat de la répartition de *Rousettus aegyptiacus*, présent seulement sur l'ouest de la région cartographiée).



Nos résultats montrent aussi une variabilité dans la favorabilité de *spillover* dans le temps. Dans la série temporelle que nous avons produite pour 2013, le nord devient plus favorable au *spillover* pendant la saison de pluie, et la région à l'ouest, près de la forêt de Ziam, montre une favorabilité élevée en juillet et août. D'autres études ont montré que la transition de conditions sèches à conditions humides est une période favorable à la transmission du virus des animaux aux hommes (Schmidt *et al.*, 2017 ; Pinzon *et al.*, 2004 ; Tucker *et al.*, 2002). Cela est sûrement lié à l'association des variables environnementales avec l'écologie du virus et/ou des hôtes. Par exemple (Wollenberg Valero *et al.*, 2018) ont rapporté un lien entre l'émergence

d’Ebola et la saison de floraison et de fructification. Il est possible que le contact entre les espèces susceptibles et les espèces réservoirs devienne plus fréquent lors de la fructification des certaines espèces végétales dont le deux types d’espèce se nourrissent ; ou bien des variations dans le système immunitaire liées aux changements physiologiques des espèces susceptibles et/ou des espèces hôtes rendent plus probable la circulation et transmission du virus à certains moments (Plowright *et al.*, 2015 ; Groseth *et al.*, 2007). De plus, la probabilité de *spillover* est aussi liée aux activités humaines, qui elles-mêmes peuvent avoir une saisonnalité. En Guinée forestière, même si on chasse toute l’année, la saison de chasse se déroule de décembre à mars, et donc on attend plus d’activité pendant cette période. Les espèces chassées ne sont pas les mêmes toute l’année. Par exemple, il semble que les chauves-souris sont surtout chassées entre février et mai, les mois de transition de la saison sèche à la saison de pluie (Drame, 2018).

Figure 8. Distribution des valeurs du pixel dans les cartes de favorabilité de *spillover* au Congo en juin 2001 et juin 2003. Les lignes signalent la valeur du pixel dans les sites où des évènements de *spillover* ont été rapportés en 2001 et 2003, 2005 (graphique 2003).



Les données de chauves-souris échantillonnées dans la région pour tester la présence d’anticorps contre *Ebolavirus* nous permettent une première appréciation de la fiabilité de la méthode appliquée à notre cas d’étude. Une tendance à une valeur du pixel plus élevée dans les zones où des chauves-souris ont été testées positives pour *Ebolavirus* suggère que la méthode réussit à identifier des zones à risque, au moins par rapport à la présence d’espèces potentiellement réservoirs. La proportion de chauves-souris positives était plus élevée dans le nord-ouest, une région de favorabilité intermédiaire et où a eu lieu le début de l’épidémie en 2013, que dans la région du centre-sud, une région qui tend à une favorabilité plus élevée (21/58 et 12/71, respectivement). Cependant, les chauves-souris échantillonnées dans le nord-ouest ont été échantillonnées en décembre 2016 et celles du centre-sud l’ont été en mars 2017, ce qui confond l’effet spatial et l’effet temporel. Néanmoins, le fait que les sites où des chauves-souris ont été testées positives se situent dans des zones de favorabilité plus élevée seulement en décembre pourrait indiquer une différence saisonnière dans le risque de *spillover* du virus Ebola. Il faut signaler que nous avons utilisé ces données pour la validation de cartes de risque de *spillover* car cela a été l’objectif de cette étude, mais en fait il serait plus pertinent de les

utiliser pour évaluer des cartes de risque de circulation d'*Ebolavirus* chez les chauves-souris. Dans ce cas, les variables associées à la densité de population humaine et à ces activités ne seraient pas prises en compte comme facteurs de risque.

Il est intéressant de constater que les sites avec de chauves-souris positives échantillonnées et le site de *spillover* d'EBOV de l'épidémie en Afrique de l'Ouest se trouvent dans des zones de favorabilité intermédiaire plutôt que de favorabilité élevée, surtout pour le mois de décembre. Il est possible que ce résultat soit biaisé car le nombre de chauves-souris échantillonnées était plus élevé dans les sites où au moins une chauve-souris a été testée positive comparé aux sites où toutes les chauves-souris étaient négatives (10 et 3, respectivement). Un seul cas de *spillover* d'EBOV est connu en Afrique de l'Ouest et donc la validation de la méthode dans cette région reste très limitée pour le moment. Néanmoins, nos résultats de validation au Congo suggèrent que les événements de *spillover* d'EBOV seraient plus probables dans des zones de favorabilité moyenne (i.e. la moyenne de la valeur du pixel dans les zones de *spillover* au Cogo a été 0.522 et 0.540 en 2001 et 2003 respectivement, et la moyenne générale a été 0.514 et 0.516 pour les mêmes années). Olivero, Fa, Real, Farfán, *et al.*, 2017 suggèrent que les mécanismes de transmission du virus peuvent différer entre les zones très favorables et les zones de favorabilité intermédiaire. Ils suggèrent que la densité de population, la distance aux chemins et les forêts de galerie joueraient un rôle plus important dans la transmission du virus des animaux aux hommes dans les zones de favorabilité intermédiaire.

Finalement, il faut tenir compte les limitations de notre étude. Les résultats obtenus avec le MCE ne sont qu'une image incomplète de la problématique traitée (Stevens *et al.*, 2013). Nous avons utilisé des données de résolution spatiale différente, ce qui peut impacter la précision du modèle (Tammi & Kalliola, 2014). La plupart de nos données avaient une résolution de 1 km, ce qui diminue l'effet que les différentes résolutions des données auraient pu avoir sur les cartes produites. Néanmoins, certaines données étaient d'une précision limitée. Les données de présence/absence des espèces que nous avons utilisées présentent une distribution égale dans toute la zone de répartition, mais en fait la probabilité de présence d'une espèce dans un espace donnée est variable et dépendent de plusieurs facteurs (Brown *et al.*, 1995). Aussi, nous n'avons pas eu accès à des données plus fiables sur le risque associé à la commercialisation et consommation de la viande de brousse. Les activités liées à la consommation de la viande de brousse représentent très probablement un facteur important pour qu'un événement de *spillover* d'EBOV se produise (Judson *et al.*, 2016). Des données plus précises, tels que des modèles de distribution d'espèces basés sur l'occurrence, et sur les aires de chasse, et l'activité de chasse en général, ainsi que de meilleures connaissances sur la composition des communautés de chauves-souris et sa variabilité dans le temps, et de la compétition entre espèces pour la nourriture en saison sèche permettraient d'affiner les résultats du MCE.

5. Conclusion et Perspectives

Cette étude a permis de construire des cartes pertinentes pour évaluer le risque de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière qui pourront être utilisées pour des études plus approfondies sur la transmission d'EBOV,

par exemple pour cibler des zones d'échantillonnage de chauves-souris et de population humaine à fort ou à faible risque. Elles pourront être aussi utilisées pour la surveillance d'une réémergence de la maladie en cette région. Une base des données des facteurs de risque identifiés pour le *spillover* d'EBOV a aussi été créée.

Un avantage du MCE est qu'elle permet la mise à jour des résultats si des données plus précises deviennent accessibles et/ou si les connaissances sur le sujet s'améliorent. Dans le cadre de cette mission professionnelle, des scripts R ont été produits. Grâce à cela, la production de cartes dans un deuxième site a été possible malgré la durée limitée de cette mission professionnelle. Ces scripts sont disponibles et annotés pour qu'une personne qui n'a pas suivi cette étude puisse appliquer le MCE avec d'autres données ou sur d'autres régions (Annexe 5).

Nous avons eu une très faible réponse au questionnaire envoyé aux experts sur les facteurs de risque de *spillover* d'EBOV. Même si le choix et la hiérarchisation des facteurs de risque en utilisant la littérature est efficace (Tran *et al.*, 2016 ; Stevens *et al.*, 2013), la consultation des experts peut être un avantage notamment si peu d'informations sont disponibles sur certains facteurs (par. ex. la consommation et commercialisation de la viande de brousse). Nous avons utilisé un questionnaire unique pour les consulter sur les différentes catégories de risque. Néanmoins, les experts pourraient avoir eu un avis pertinent sur certains facteurs de risque, mais pas nécessairement sur tous. Donc, des questionnaires ciblés selon le type de risque et le champ d'expertise des experts pourraient augmenter le taux de réponse.

Enfin, une analyse de sensibilité pourrait être réalisée pour évaluer la robustesse des facteurs de risque choisis et le classement de ceux-ci. Une telle analyse permettrait de juger la pertinence d'inclure ou exclure des facteurs de risque, la relation supposée entre le risque et les facteurs, ainsi que l'importance donnée à chaque facteur ou groupe de facteurs (Ligmann-Zilinska et Jankowski, 2008). Cette analyse permettrait d'affiner le MCE pour obtenir des résultats plus adéquats.

Remerciements

Je voudrais remercier Annelise Tran pour l'opportunité de participer au le projet EboHealth dans le cadre de cette mission professionnelle. Cette mission professionnelle a été une expérience très agréable et enrichissante grâce à ses conseils et sa supervision. Je remercie également Maxime Lenormad pour ses explications claires, étape par étape, du MCE, pour sa disponibilité à répondre mes questions et pour m'avoir fourni des scripts R qui ont servi de guide pour comprendre la méthode et pour développer mes propres scripts. Il a également fourni d'excellentes suggestions pour la validation des cartes.

Mes sincères remerciements à toutes les personnes impliquées dans le projet EboHealth (Ahidjo Ayouba, Mathieu Bourgarel, Julien Cappelle, Alexandre Caron, Eric Delaporte, Hélène De Nys, Alice Desclaux, Martine Peeters, Marisa Peyre et François Roger) pour partager leur expertise sur divers aspects liés à la maladie et virus Ebola, à l'écologie des chauves-souris et aux maladies infectieuses. Leurs réponses au questionnaire sur les facteurs de risque m'ont permis d'identifier plus clairement ces facteurs et leur importance, une étape critique pour cette étude. Je remercie leur disponibilité et conseils tout au long de cette mission professionnelle. Martine Peeters et Helene De Nys ont aimablement fourni les données de sérologie et de répartition des chauves-souris qui ont été utilisées pour la validation des cartes.

Laureline Nacer a partagé son propre questionnaire et ses scripts R de fonctions, qui m'ont servi de base pour concevoir ceux produits et utilisés dans cette étude.

Emmanuelle Roth, Marie-Jeanne Guenin et Aurélie Garrigues ont partagé leurs propres expériences dans l'étude de différents aspects du virus Ebola en Guinée, ce qui m'a permis d'avoir une vision plus large de la maladie à virus Ebola et de son impact en Guinée.

Nicolas Moyroud m'a orienté pour obtenir les données des villages à partir d'OpenStreetMap.

Je remercie toute l'équipe de la Maison de la Télédétection et du mastère SILAT pour une année de formation et partage.

Enfin et surtout, mes remerciements infinis (comme sa patience) à Arnaud Bataille, qui non seulement a corrigé le français dans ce rapport et beaucoup d'autre documents, mais a été un support constant et fiable au fil des ans. Mi vida tiene mucho más sabor porque la comparto contigo.

.

Bibliographie

- Ayoub A., Ahuka-Mundike S., Butel C., Mbala Kingebeni P., Loul S., Tagg N., Villabona-Arenas C.-J., Lacroix A., Ndimbo-Kumugo S.-P., Keita A.K., Toure A., Couacy-Hymann E., Calvignac-Spencer S., Leendertz F.H., Formenty P., Delaporte E., Muyembe-Tamfum J.-J., Mpoudi Ngole E., & Peeters M. 2019. Extensive Serological Survey of Multiple African Nonhuman Primate Species Reveals Low Prevalence of Immunoglobulin G Antibodies to 4 Ebola Virus Species. *The Journal of Infectious Diseases*.
- Bausch D.G., Towner J.S., Dowell S.F., Kaducu F., Lukwiya M., Sanchez A., Nichol S.T., Ksiazek T.G., & Rollin P.E. 2007. Assessment of the Risk of Ebola Virus Transmission from Bodily Fluids and Fomites. *The Journal of Infectious Diseases*. 196(Supplement_2), p. S142-S147.
- Boumandouki P., Formenty P., Epelboin A., Campbell P., Atsangandoko C., Allaranger Y., Leroy E.M., Kone M.L., Molamou A., Dinga-Longa O., Salemo A., Kounkou R.Y., Mombouli V., Ibara J.R., Gaturuku P., Nkunku S., Lucht A., & Feldmann H. 2005. [Clinical management of patients and deceased during the Ebola outbreak from October to December 2003 in Republic of Congo]. *Bulletin de la Societe de pathologie exotique (1990)*. 98(3), p. 218-223.
- Brown J.H., Mehlman D.W., & Stevens G.C. 1995. Spatial Variation in Abundance. *Ecology*. 76(7), p. 2028-2043.
- Caron A., Bourgarel M., Cappelle J., Liégeois F., De Nys H.M., & Roger F. 2018. Ebola Virus Maintenance: If Not (Only) Bats, What Else? *Viruses*. 10(10), p. 549.
- Carroll M.W., Matthews D.A., Hiscox J.A., Elmore M.J., Pollakis G., Rambaut A., Hewson R., García-Dorival I., Bore J.A., Koundouno R., Abdellati S., Afrough B., Aiyepada J., Akhilomen P., Asogun D., Atkinson B., Badusche M., Bah A., Bate S., Baumann J., Becker D., Becker-Ziaja B., Bocquin A., Borremans B., Bosworth A., Boettcher J.P., Cannas A., Carletti F., Castilletti C., Clark S., Colavita F., Diederich S., Donatus A., Duraffour S., Ehichioya D., Ellerbrok H., Fernandez-Garcia M.D., Fizez A., Fleischmann E., Gryseels S., Hermelink A., Hinzmann J., Hopf-Guevara U., Ighodalo Y., Jameson L., Kelterbaum A., Kis Z., Kloth S., Kohl C., Korva M., Kraus A., Kuisma E., Kurth A., Liedigk B., Logue C.H., Lüdtke A., Maes P., McCowen J., Mély S., Mertens M., Meschi S., Meyer B., Michel J., Molkenhuth P., Muñoz-Fontela C., Muth D., Newman E.N.C., Ngabo D., Oestereich L., Okosun J., Olorok T., Omiunu R., Omomoh E., Pallasch E., Pályi B., Portmann J., Pottage T., Pratt C., Priesnitz S., Quartu S., Rappe J., Repits J., Richter M., Rudolf M., Sachse A., Schmidt K.M., Schudt G., Strecker T., Thom R., Thomas S., Tobin E., Tolley H., Trautner J., Vermoesen T., Vitoriano I., Wagner M., Wolff S., Yue C., Capobianchi M.R., Kretschmer B., Hall Y., Kenny J.G., Rickett N.Y., Dudas G., Coltart C.E.M., Kerber R., Steer D., Wright C., Senyah F., Keita S., Drury P., Diallo B., de Clerck H., Van Herp M., Sprecher A., Traore A., Diakite M., Konde M.K., Koivogui L., Magassouba N., Avšič-Županc T., Nitsche A., Strasser M., Ippolito G., Becker S., Stoecker K., Gabriel M., Raoul H., Di Caro A., Wölfel R., Formenty P., & Günther S. 2015. Temporal and spatial analysis of the 2014–2015 Ebola virus outbreak in West Africa. *Nature*. 524(7563), p. 97-101.
- Carver S.J. 1991. Integrating multi-criteria evaluation with geographical information systems. *International Journal of Geographical Information Systems*. 5(3), p. 321-339.
- Castellanos Abella, E. A. & Van Westen, C. J. Generation of a landslide risk index map for Cuba using spatial multi-criteria evaluation. *Landslides* 4, 311–325 (2007).
- CDC. 2019. Ebola Virus Disease Distribution Map: Cases of Ebola Virus Disease in Africa Since 1976. Disponible sur : < <https://www.cdc.gov/vhf/ebola/history/distribution-map.html> > (Consulté le 21 août 2019).
- Chakhar S. & Mousseau V. 2008. Spatial multicriteria decision making. *Encyclopedia of geographic information science*. , p. 747-753.
- Clements A.C.A. & Pfeiffer D.U. 2009. Emerging viral zoonoses: Frameworks for spatial and spatiotemporal risk assessment and resource planning. *The Veterinary Journal*. 182(1), p. 21-30.

- Daszak P., Cunningham A.A., & Hyatt A.D. 2000. Emerging Infectious Diseases of Wildlife-- Threats to Biodiversity and Human Health. *Science*. 287(5452), p. 443-449.
- De Nys H.M., Kingebeni P.M., Keita A.K., Butel C., Thaurignac G., Villabona-Arenas C.-J., Lemarcis T., Geraerts M., Vidal N., Esteban A., Bourgarel M., Roger F., Leendertz F., Diallo R., Ndimbo-Kumugo S.-P., Nsio-Mbeta J., Tagg N., Koivogui L., Toure A., Delaporte E., Ahuka-Mundeye S., Tamfum J.-J.M., Mpoudi-Ngole E., Ayoub A., & Peeters M. 2018. Survey of Ebola Viruses in Frugivorous and Insectivorous Bats in Guinea, Cameroon, and the Democratic Republic of the Congo, 2015–2017. *Emerging Infectious Diseases*. 24(12), p. 2228-2240.
- Drame M. 2018. *Etude des pratiques socio-économiques et culturelles des communautés vivant à l'interface avec la faune sauvage favorisant les risques d'émergence du virus Ebola de la faune sauvage à l'homme, et perception des pratiques de surveillance*. Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, Cirad, Université Paul Sabatier, Institut Pasteur de Guinée, Direction Nationale des Services Vétérinaires
- Goldstein T., Anthony S.J., Gbakima A., Bird B.H., Bangura J., Tremeau-Bravard A., Belaganahalli M.N., Wells H.L., Dhanota J.K., Liang E., Grodus M., Jangra R.K., DeJesus V.A., Lasso G., Smith B.R., Jambai A., Kamara B.O., Kamara S., Bangura W., Monagin C., Shapira S., Johnson C.K., Saylor K., Rubin E.M., Chandran K., Lipkin W.I., & Mazet J.A.K. 2018. The discovery of Bombali virus adds further support for bats as hosts of ebolaviruses. *Nature Microbiology*. 3(10), p. 1084-1089.
- Groseth A., Feldmann H., & Strong J.E. 2007. The ecology of Ebola virus. *Trends in Microbiology*. 15(9), p. 408-416.
- Herkt, K. M. B., Barnikel, G., Skidmore, A. K. & Fahr, J. 2016. A high-resolution model of bat diversity and endemism for continental Africa. *Ecological Modelling* 320, 9–28.
- Huijbregts B., Wachter P.D., Obiang L.S.N., & Akou M.E. 2003. Ebola and the decline of gorilla Gorilla gorilla and chimpanzee Pan troglodytes populations in Minkebe Forest, north-eastern Gabon. *Oryx*. 37(4), p. 437-443.
- Jones K.E., Patel N.G., Levy M.A., Storeygard A., Balk D., Gittleman J.L., & Daszak P. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*. 451(7181), p. 990-993.
- Judson S.D., Fischer R., Judson A., & Munster V.J. 2016. Ecological Contexts of Index Cases and Spillover Events of Different Ebolaviruses. *PLOS Pathogens*. 12(8), p. e1005780.
- Koplan J.P., Bond T.C., Merson M.H., Reddy K.S., Rodriguez M.H., Sewankambo N.K., & Wasserheit J.N. 2009. Towards a common definition of global health. *The Lancet*. 373(9679), p. 1993-1995.
- Kupferschmidt K. 2019. This bat species may be the source of the Ebola epidemic that killed more than 11,000 people in West Africa. Dans : *Science / AAAS* [En ligne]. Disponible sur : < <https://www.sciencemag.org/news/2019/01/bat-species-may-be-source-ebola-epidemic-killed-more-11000-people-west-africa> > (Consulté le 16 mai 2019).
- Leendertz S.A.J. 2016. Testing New Hypotheses Regarding Ebolavirus Reservoirs. *Viruses*. 8(2), p. 30.
- Leendertz S.A.J., Gogarten J.F., Düx A., Calvignac-Spencer S., & Leendertz F.H. 2016. Assessing the Evidence Supporting Fruit Bats as the Primary Reservoirs for Ebola Viruses. *EcoHealth*. 13(1), p. 18-25.
- Leroy E.M., Epelboin A., Mondonge V., Pourrut X., Gonzalez J.-P., Muyembe-Tamfum J.-J., & Formenty P. 2009. Human Ebola Outbreak Resulting from Direct Exposure to Fruit Bats in Luebo, Democratic Republic of Congo, 2007. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*. 9(6), p. 723-728.
- Leroy E.M., Kumulungui B., Pourrut X., Rouquet P., Hassanin A., Yaba P., Délicat A., Paweska J.T., Gonzalez J.-P., & Swanepoel R. 2005. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature*. 438(7068), p. 575.

- Leroy E.M., Rouquet P., Formenty P., Souquière S., Kilbourne A., Froment J.-M., Bermejo M., Smit S., Karesh W., Swanepoel R., Zaki S.R., & Rollin P.E. 2004. Multiple Ebola Virus Transmission Events and Rapid Decline of Central African Wildlife. *Science*. 303(5656), p. 387-390.
- Ligmann-Zielinska, Arika, and Piotr Jankowski. "A Framework for Sensitivity Analysis in Spatial Multiple Criteria Evaluation." In *Geographic Information Science*, edited by T. J. Cova, H. J. Miller, K. Beard, A. U. Frank, and M. F. Goodchild, 5266:217-33. Lecture Notes in Computer Science. Springer Berlin Heidelberg, 2008.
- Malczewski J. 1999. *GIS and Multicriteria Decision Analysis*. John Wiley & Sons, 414 p.
- Martines R.B., Ng D.L., Greer P.W., Rollin P.E., & Zaki S.R. 2015. Tissue and cellular tropism, pathology and pathogenesis of Ebola and Marburg viruses. *The Journal of Pathology*. 235(2), p. 153-174.
- Morens D.M., Folkers G.K., & Fauci A.S. 2004. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature*. 430(6996), p. 242-249.
- Murray K.A., Preston N., Allen T., Zambrana-Torrel C., Hosseini P.R., & Daszak P. 2015. Global biogeography of human infectious diseases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 112(41), p. 12746-12751.
- Mylne A., Brady O.J., Huang Z., Pigott D.M., Golding N., Kraemer M.U.G., & Hay S.I. 2014. A comprehensive database of the geographic spread of past human Ebola outbreaks. *Scientific Data*. 1, p. 140042.
- Nasi, R., Brown, D., Wilkie, D., Bennett, E., Tutin, C., van Tol, G., and Christophersen, T. (2008). Conservation and use of wildlife-based resources: the bushmeat crisis. Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Montreal, and Center for International Forestry Research (CIFOR), Bogor. Technical Series no. 33, 50 pages.
- Nyakarahuka L., Ayebare S., Mosomtai G., Kankya C., Lutwama J., Mwiine F.N., & Skjerve E. 2017. Ecological Niche Modeling for Filoviruses: A Risk Map for Ebola and Marburg Virus Disease Outbreaks in Uganda. *PLoS Currents*. 9.
- Olival K.J. & Hayman D.T.S. 2014. Filoviruses in Bats: Current Knowledge and Future Directions. *Viruses*. 6(4), p. 1759-1788.
- Olivero J., Fa J.E., Real R., Farfán M.Á., Márquez A.L., Vargas J.M., Gonzalez J.P., Cunningham A.A., & Nasi R. 2017. Mammalian biogeography and the Ebola virus in Africa. *Mammal Review*. 47(1), p. 24-37.
- Olivero J., Fa J.E., Real R., Márquez A.L., Farfán M.A., Vargas J.M., Gaveau D., Salim M.A., Park D., Suter J., King S., Leendertz S.A., Sheil D., & Nasi R. 2017. Recent loss of closed forests is associated with Ebola virus disease outbreaks. *Scientific Reports*. 7(1), p. 14291.
- OMS. 2016. Déclaration du DG de l'OMS au média sur la réunion du Comité d'urgence du virus Ebola. Dans : *WHO* [En ligne]. Disponible sur : <https://www.who.int/fr/news-room/detail/29-03-2016-who-director-general-briefs-media-on-outcome-of-ebola-emergency-committee> (Consulté le 21 août 2019).
- OMS. 2019. L'approche multisectorielle de l'OMS « Un monde, une santé ». Dans : *WHO* [En ligne]. Disponible sur : <http://www.who.int/features/qa/one-health/fr/> (Consulté le 20 août 2019).
- Pigott D.M., Golding N., Mylne A., Huang Z., Henry A.J., Weiss D.J., Brady O.J., Kraemer M.U.G., Smith D.L., Moyes C.L., Bhatt S., Gething P.W., Horby P.W., Bogoch I.I., Brownstein J.S., Mearns S.R., Tatem A.J., Khan K., & Hay S.I. 2014. Mapping the zoonotic niche of Ebola virus disease in Africa. *eLife*. 3(e04395).
- Pigott, D. M. *et al.* Updates to the zoonotic niche map of Ebola virus disease in Africa. *eLife* **5**, e16412 (2016).

- Pinzon J.E., Wilson J.M., Tucker C.J., Arthur R., Jahrling P.B., & Formenty P. 2004. Trigger events: enviroclimatic coupling of Ebola hemorrhagic fever outbreaks. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*. 71(5), p. 664-674.
- Plowright R.K., Eby P., Hudson P.J., Smith I.L., Westcott D., Bryden W.L., Middleton D., Reid P.A., McFarlane R.A., Martin G., Tabor G.M., Skerratt L.F., Anderson D.L., Crameri G., Quammen D., Jordan D., Freeman P., Wang L.-F., Epstein J.H., Marsh G.A., Kung N.Y., & McCallum H. 2015. Ecological dynamics of emerging bat virus spillover. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 282(1798), p. 20142124.
- Pourrut X., Délicat A., Rollin P.E., Ksiazek T.G., Gonzalez J.-P., & Leroy E.M. 2007. Spatial and Temporal Patterns of Zaire ebolavirus Antibody Prevalence in the Possible Reservoir Bat Species. *The Journal of Infectious Diseases*. 196(Supplement_2), p. S176-S183.
- Pourrut X., Kumulungui B., Wittmann T., Moussavou G., Délicat A., Yaba P., Nkoghe D., Gonzalez J.-P., & Leroy E.M. 2005. The natural history of Ebola virus in Africa. *Microbes and Infection*. 7(7), p. 1005-1014.
- R: A language and environment for statistical computing. (R Foundation for Statistical Computing, 2019).
- Rouquet P., Froment J.-M., Bermejo M., Kilbourn A., Karesh W., Reed P., Kumulungui B., Yaba P., Délicat A., Rollin P.E., & Leroy E.M. 2005. Wild Animal Mortality Monitoring and Human Ebola Outbreaks, Gabon and Republic of Congo, 2001–2003. *Emerging Infectious Diseases*. 11(2), p. 283-290.
- Rulli M.C., Santini M., Hayman D.T.S., & D’Odorico P. 2017. The nexus between forest fragmentation in Africa and Ebola virus disease outbreaks | Scientific Reports. *Scientific Reports*. 7, p. 41613.
- Saaty T.L. 2005. Analytic Hierarchy Process. Dans : *Encyclopedia of Biostatistics*. American Cancer Society
- Saéz A.M., Weiss S., Nowak K., Lapeyre V., Zimmermann F., Dux A., Kühl H.S., Kaba M., Regnaut S., Merkel K., Sachse A., Thiesen U., Villányi L., Boesch C., Dabrowski P.W., Radonić A., Nitsche A., Leendertz S.A.J., Petterson S., Becker S., Krähling V., Couacy-Hymann E., Akoua-Koffi C., Weber N., Schaade L., Fahr J., Borchert M., Gogarten J.F., Calvignac-Spencer S., & Leendertz F.H. 2015. Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic. *EMBO Molecular Medicine*. 7(1), p. 17-23.
- Schmidt J.P., Park A.W., Kramer A.M., Han B.A., Alexander L.W., & Drake J.M. 2017. Spatiotemporal Fluctuations and Triggers of Ebola Virus Spillover. *Emerging Infectious Diseases*. 23(3), p. 415-422.
- Smith K.F., Goldberg M., Rosenthal S., Carlson L., Chen J., Chen C., & Ramachandran S. 2014. Global rise in human infectious disease outbreaks. *Journal of The Royal Society Interface*. 11(101), p. 20140950.
- Stevens K.B., Gilbert M., & Pfeiffer D.U. 2013. Modeling habitat suitability for occurrence of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in domestic poultry in Asia: A spatial multicriteria decision analysis approach. *Spatial and Spatio-temporal Epidemiology*. 4, p. 1-14.
- Swanepoel R., Leman P.A., Burt F.J., Zachariades N.A., Braack L.E., Ksiazek T.G., Rollin P.E., Zaki S.R., & Peters C.J. 1996. Experimental inoculation of plants and animals with Ebola virus. *Emerging Infectious Diseases*. 2(4), p. 321-325.
- Tammi I. & Kalliola R. 2014. Spatial MCDA in marine planning: Experiences from the Mediterranean and Baltic Seas. *Marine Policy*. 48, p. 73-83.
- Timothy J.W.S., Hall Y., Akoi-Boré J., Diallo B., Tipton T.R.W., Bower H., Strecker T., Glynn J.R., & Carroll M.W. 2019. Early transmission and case fatality of Ebola virus at the index site of the 2013–16 west African Ebola outbreak: a cross-sectional seroprevalence survey. *The Lancet Infectious Diseases*. 19(4), p. 429-438.
- Tran A., Trevennec C., Lutwama J., Sserugga J., Gély M., Pittiglio C., Pinto J., & Chevalier V. 2016. Development and Assessment of a Geographic Knowledge-Based Model for Mapping Suitable Areas

- for Rift Valley Fever Transmission in Eastern Africa. *PLoS neglected tropical diseases*. 10(9), p. e0004999.
- Tucker C.J., Wilson J.M., Mahoney R., Anyamba A., Linthicum K., & Myers M.F. 2002. Climatic and ecological context of the 1994-1996 Ebola outbreaks. *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing*. 68(2), p. 147-152.
- Viana M., Mancy R., Biek R., Cleaveland S., Cross P.C., Lloyd-Smith J.O., & Haydon D.T. 2014. Assembling evidence for identifying reservoirs of infection. *Trends in Ecology & Evolution*. 29(5), p. 270-279.
- Walsh M.G. & Haseeb M.A. 2015. The landscape configuration of zoonotic transmission of Ebola virus disease in West and Central Africa: interaction between population density and vegetation cover. *PeerJ*. 3, p. e735.
- WHO Ebola Response Team. 2016. After Ebola in West Africa — Unpredictable Risks, Preventable Epidemics. *New England Journal of Medicine*. 375(6), p. 587-596
- Wilson R. 1992. Guinea. Dans : Sayer J.A., Harcourt C.S., Collins N.M. (éd.). *The Conservation Atlas of Tropical Forests Africa*. London : Palgrave Macmillan UK, p. 193-199.
- Wollenberg Valero K.C., Isokpehi R.D., Douglas N.E., Sivasundaram S., Johnson B., Wootson K., & McGill A. 2018. Plant Phenology Supports the Multi-emergence Hypothesis for Ebola Spillover Events. *EcoHealth*. 15(3), p. 497-508.
- WWF. 2019. Western Africa: Coastal areas of Guinea, Côte d'Ivoire, Liberia, and Sierra Leone | Ecoregions | WWF. Dans : *World Wildlife Fund* [En ligne]. Disponible sur : < <https://www.worldwildlife.org/ecoregions/at0130> > (Consulté le 26 août 2019).

Annexes

Annexe 1. Sources des données, prétraitements et calculs de variables associées aux facteurs de risque de *spillover* d'EBOV.

Toutes les données utilisées pour cette étude sont des données d'accès libre. Le Tableau A1 montre les bases des données utilisées pour le téléchargement des données.

Tous les rasters doivent avoir la même résolution et la même étendue pour les utiliser pour le GIS-MCE. Une résolution d'environ 1km a été adoptée (918.57 x 921.39m pour la Guinée forestière ; 927.44 x 921.39 pour la zone de validation au Congo). Le Tableau A2 montre les détails des prétraitements réalisés pour l'obtention de toutes les couches rasters. Les projections Dabola 1981 et UTM 33S ont été utilisées pour la Guinée forestière et la zone de validation au Congo respectivement.

Tableau A1.1. Bases de données consultées pour l'obtention de données

Type de donnée	Organisme	Site web	Référence
Répartition d'espèces	IUCN	http://www.iucnredlist.org/technicaldocuments/spatial-data	Référence selon l'espèce téléchargée
Couverture forestière	FAO	http://www.fao.org/geonetwork/srv/en/main.home?uuid=ba4526fd-cdbf-4028-a1bd-5a559c4bff38	Latham <i>et al.</i> 2014
Terres agricoles			
Déforestation	University of Maryland	http://earthenginepartners.appspot.com/science-2013-global-forest/download_v1.6.ht	Hansen <i>et al.</i> 2013
Précipitation	CHIRPS, University of California Santa Barbara	ftp://ftp.chg.ucsb.edu/pub/org/chg/products/CHIRPS-2.0	Funk <i>et al.</i> 2014
NDVI*	NASA	http://modis.gsfc.nasa.gov/data/dataproduct/mod13.php	Didan <i>et al.</i> 2015
Température terrestre	NASA	https://modis.gsfc.nasa.gov/data/dataproduct/mod11.php	Wan <i>et al.</i> 2015
Frontières administratives des pays (Guinée, Congo)	OCHA (ONU)	https://data.humdata.org/dataset/guinea-geodatabase https://data.humdata.org/dataset/congo-administrative-boundaries	OCHA 2019
Densité de population	Afripop	https://www.worldpop.org	Linard <i>et al.</i> 2012
Rivières	NA	https://www.diva-gis.org/gdata	DIVA-GIS 2019
Routes et chemins	OpenStreetMap	https://data.humdata.org/dataset/guinea-road-network https://data.humdata.org/dataset/congo-roads	OpenStreet Map 2019
Villages	OpenStreetMap	https://openstreetmap.org	OpenStreet Map 2019

*Normalized Difference Vegetation Index

Tableau A1.2. Prétraitements des données et calculs de variables pour obtenir les couches rasters des facteurs de risque

Données téléchargées	Prétraitement	Raster
Répartition de chaque espèce (polygone)	Reclassification- 0 : absence, 1 : présence	Présence/absence d'espèces
% de couverture forestière (résolution 1km)	NA	Couverture forestière
% de terres agricoles (résolution 1km)	NA	Terres agricoles
	$Ratio = \% \text{ terres agricoles} / (\% \text{ terres agricoles} + \% \text{ couverture forestière})$	Ratio terres agricoles : forêt
Perte ou pas (0, 1) de couverture forestière entre 2001 et 2012 (résolution 30m)	Fusion de tuiles qui couvrent la zone d'étude ; agrégation (moyenne) à une résolution de 1km*	Proportion de perte de couverture forestière
NDVI+ (fichier HDF, résolution 1km)	Conversion de fichier HDF en Geotiff ; fusion de tuiles qui couvrent la zone d'étude ; multiplication par 0.0001 (Didan <i>et al.</i> 2015)	NDVI
Rivières (polylignes)	Calcul de la distance euclidienne (km) aux rivières*	Distance aux rivières
Routes et chemins (polylignes)	Calcul de la distance euclidienne (km) aux routes et chemins*	Distance aux chemins
Nb. de personnes estimé par pixel (résolution 100m)	Agrégation (moyenne) à une résolution de 1km	Densité de population
Température maximale et minimale tous les 10 jours (résolution 0.25°)	Extraction de température maximale et minimale ; calcul <i>Plage température annuelle</i> = Tmax-Tmin ; désagrégation (bilinéaire) à une résolution de 1km*	Plage de température annuelle
Température journalière tous les 8 jours (fichier HDF, résolution 1km, degrés Kelvin)	Conversion de fichier HDF en Geotiff, fusion de tuiles qui couvrent la zone d'étude ; multiplication par 0.02 (Wan <i>et al.</i> 2015) ; conversion à degrés Celsius = T - 273.15	Température moyenne annuelle
Précipitation moyenne mensuelle (résolution 5km)	Désagrégation (bilinéaire)*	Précipitation moyenne mensuelle

Tableau A1.2. Continuation

Aires de forêts classées pour la Guinée forestière ; aires sous pression de la chasse pour le Congo	Géoréférencement de polygones à partir de cartes ; reclassification (1 : forêt, 0 : tout le reste (DNEF, USFWS 2008). Pour la zone au Congo, les aires de chasse ont été réclassifiées de 0 à 4, aires sous 1 : faible pression de chasse, 2 : pression modérée, 3 : pression forte, 4 : pression forte, probablement surexploitée, 0 : tout le reste (Ziegler <i>et al.</i> 2016)	Aires de chasse
Localisation de villages (points)	Reclassification (1 : village, 0 : tout le reste) ; calcul de distance euclidienne (km) ; calcul de l' <i>inverse de la distance</i> = $[1 - ((\text{distance village} - \text{MIN}) / (\text{MAX} - \text{MIN}))]$ * (MAX - MIN) + MIN	Inverse de la distance aux villages

[†]Normalized Difference Vegetation Index

* Ces rasters avaient une différence de < 0.01 par rapport à la résolution des autres rasters, donc une étape de réchantillonnage (bilinéaire) a été réalisée à la fin pour obtenir tous les rasters avec exactement la même taille du pixel.

Tableau A1.3. et Figure A1.1. Fonctions appliquées aux facteurs de risque selon la relation assumée entre chaque facteur et la possibilité de *spillover* d'EBOV.

Facteur de risque	Fonction
Couverture forestière	3
Terres agricoles	3
Ratio terres agricoles : couverture forestière	3
Déforestation	3
Productivité paysagère	3
Distance aux rivières	7
Distance aux chemins	2
Densité de population humaine	3
Plage de température annuelle	5
Température moyenne annuelle	1
Précipitation moyenne mensuelle	6
Aires de chasse de la viande de brousse	1
Commercialisation de la viande de brousse	1
Présence d'animaux domestiques	8
Densité de population humaine	1

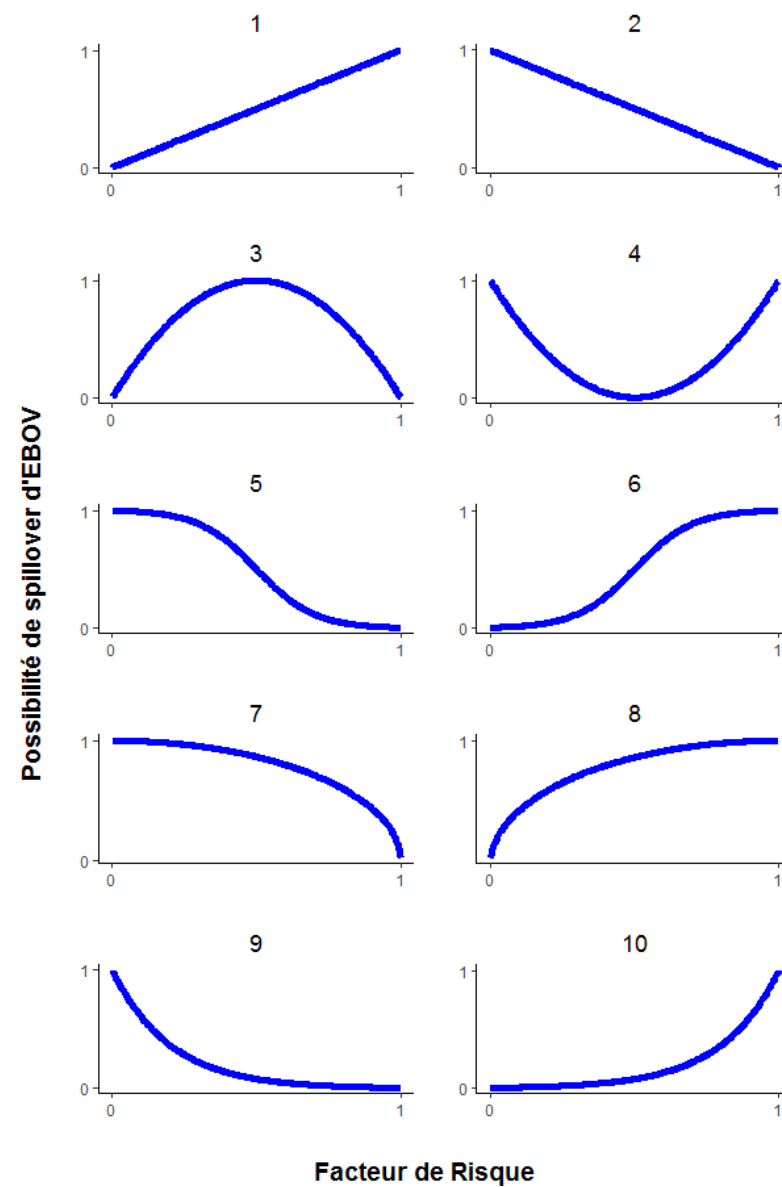


Fig. A.1.2.1. Cartes des facteurs de risque environnementaux associés aux *spillover* d'EBOV. Les facteurs sont standardisés. L'échelle est la même pour tous ; les zones tendant vers le rouge sont des zones considérées comme plus favorables à la transmission d'EBOV des animaux aux hommes.

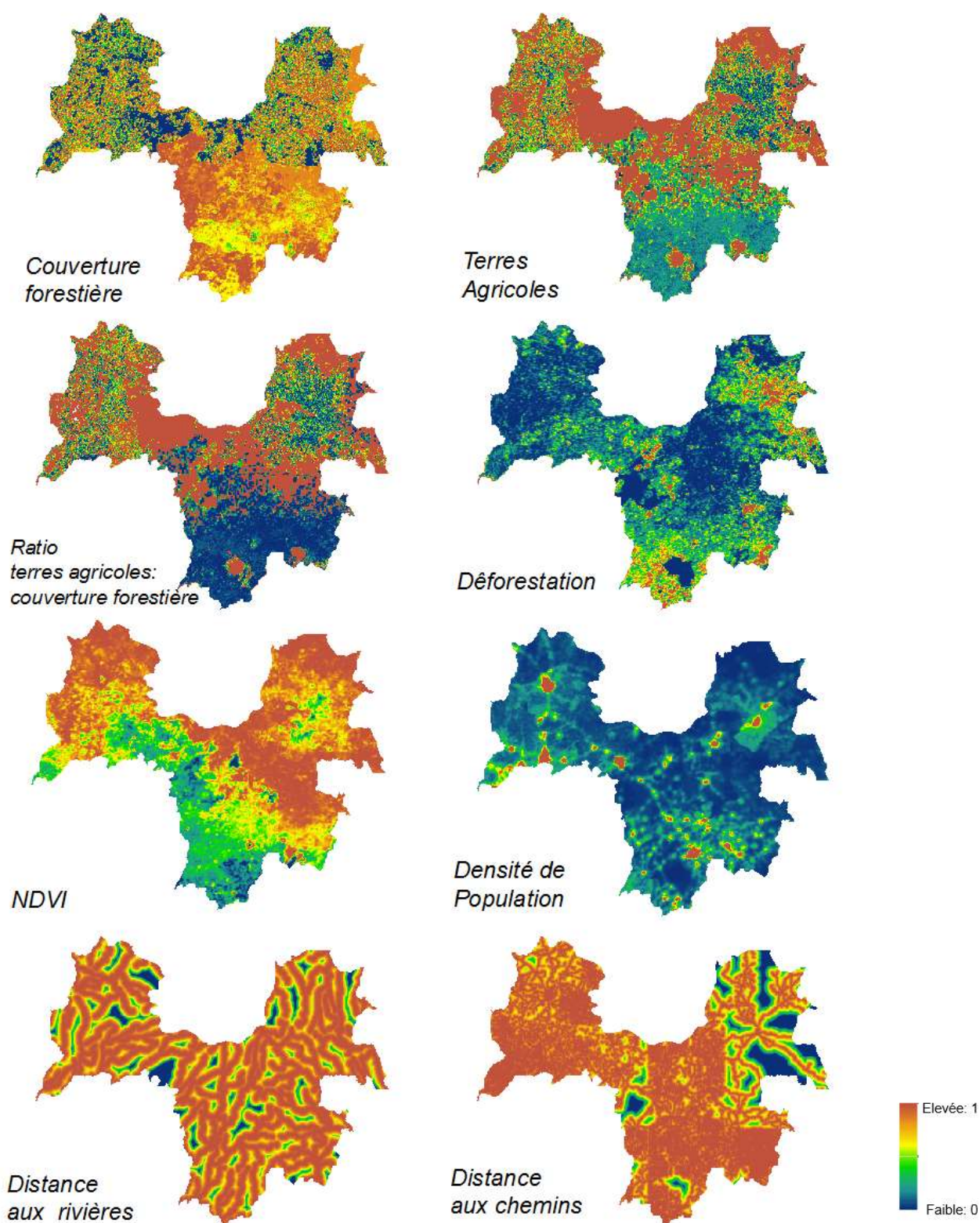


Fig. A1.2.2. Cartes des facteurs de risque climatiques. Les facteurs sont standardisés. L'échelle est la même pour tous ; les zones tendant vers le rouge sont des zones considérées comme plus favorables à la transmission d'EBOV des animaux aux hommes.

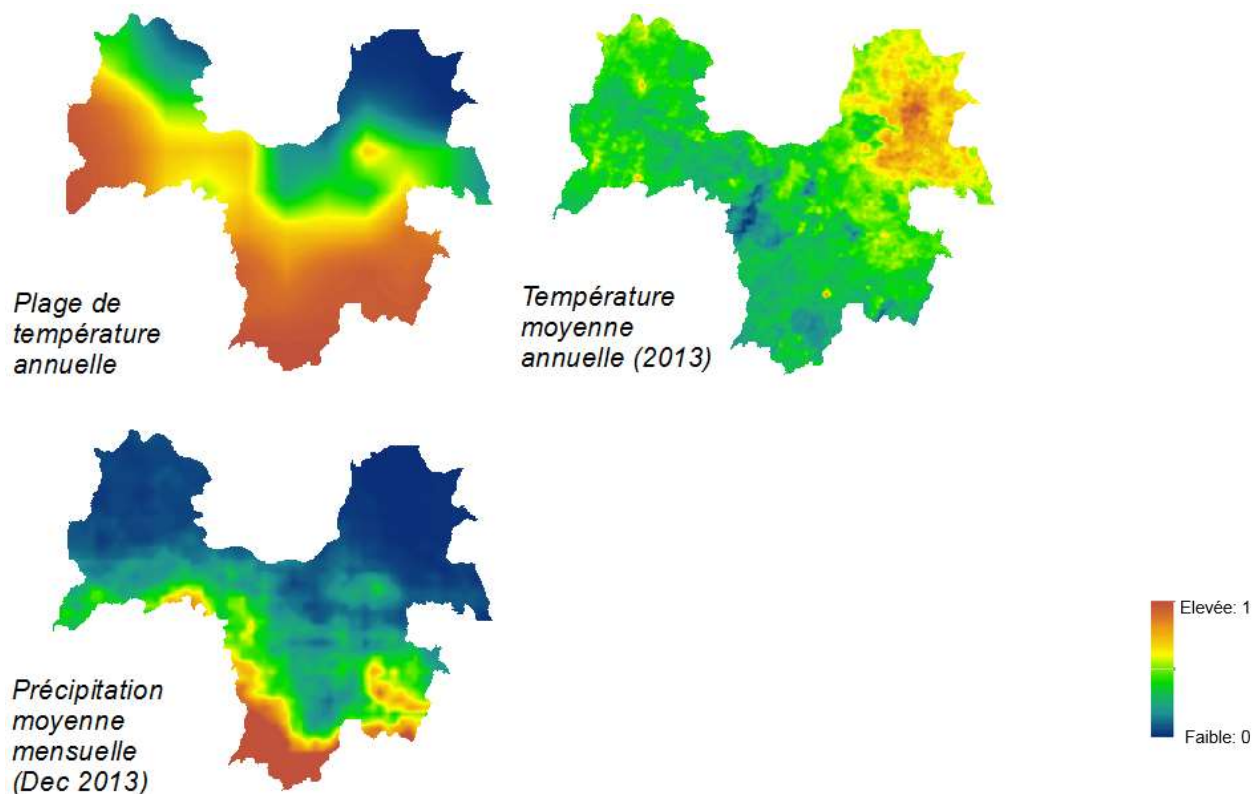
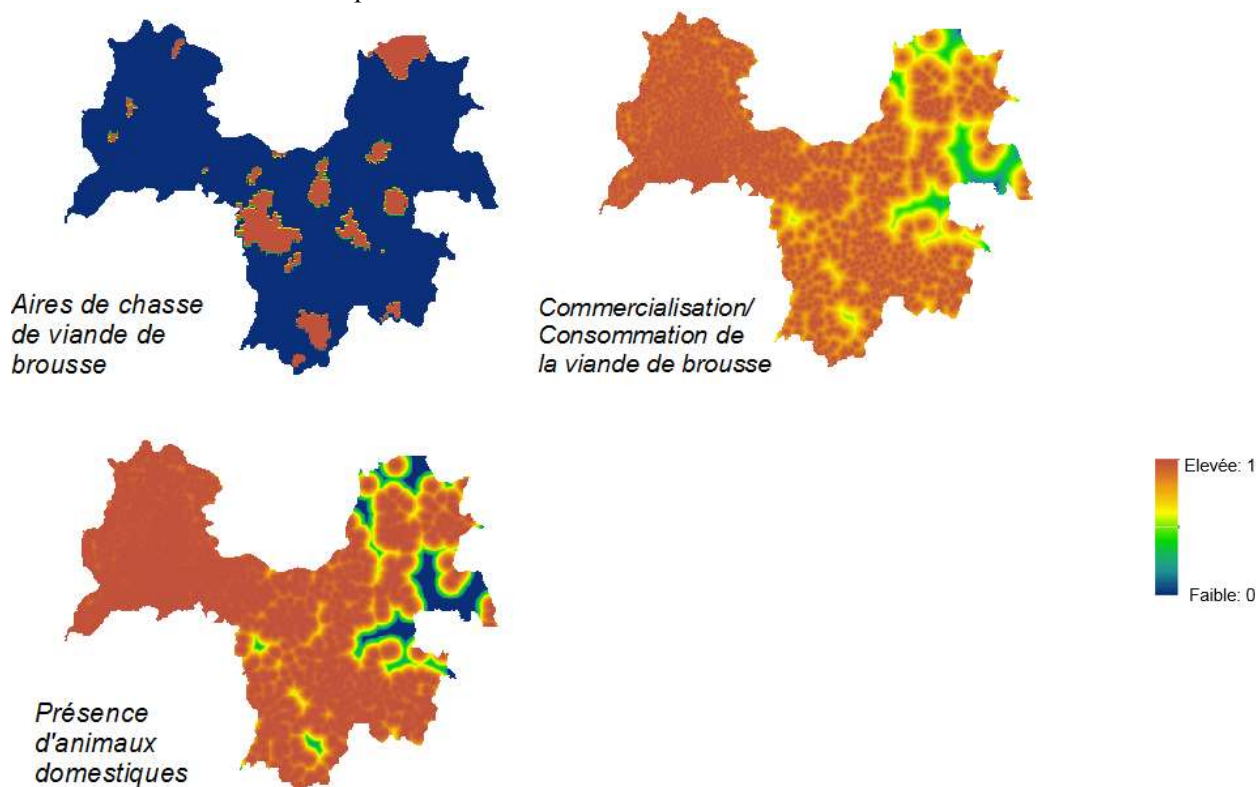


Fig. A1.2.3. Cartes des facteurs de risque liés à la consommation et commercialisation de la viande de brousse. Les facteurs sont standardisés. L'échelle est la même pour tous ; les zones tendant vers le rouge sont de zones considérées comme plus favorables à la transmission d'EBOV des animaux aux hommes.



Bibliographie

- Didan, K., Barreto Munoz, A., Solano, R. & Huete, A. 2015. MODIS Vegetation Index User's Guide (MOD13 Series). Version 3.00. Vegetation Index and Phenology Lab, University of Arizona
- Direction Nationale des Eaux et Forêts & US Fish and Wildlife Service. Stratégie Nationale de gestion des éléphants en République de Guinée. 44 (2008).
- DIVA-GIS 2019. Hijmans, R. DIVA-GIS
- Funk, C. C. *et al.* 2014. A quasi-global precipitation time series for drought monitoring. *USGS* 4.
- Hansen, M. C. *et al.* 2013. High-Resolution Global Maps of 21st-Century Forest Cover Change. *Science* **342**, 850–853
- Latham, J., Cumani, R., Rosati, I. & Bloise, M. 2014. FAO Global Land Cover (GLC-SHARE) Beta-Release 1.0 Database, Land and Water Division.
- Linard, C., Gilbert, M., Snow, R. W., Noor, A. M. & Tatem, A. J. 2012. Population Distribution, Settlement Patterns and Accessibility across Africa in 2010. *PLOS ONE* **7**, e31743.
- Kamel Didan - University of Arizona, Alfredo Huete - University of Technology Sydney and MODAPS SIPS - NASA. (2015). MOD13A3 MODIS/Terra Vegetation Indices Monthly L3 Global 1km SIN Grid. NASA LP DAAC. <http://doi.org/10.5067/MODIS/MOD13A3.006>
- OCHA 2019. Humanitarian Data Exchange v1.33.1. Disponible sur : <https://data.humdata.org/> [En Ligne]
- OpenStreet Map. 2019. Map data copyrighted OpenStreetMap contributors and available from <https://www.openstreetmap.org>
- Wan, Z. S., Hook, G. & Hulley, G. 2015. MOD11A2 MODIS/Terra Land Surface Temperature/Emissivity 8-Day L3 Global 1km SIN Grid V006. Distributed by NASA EOSDIS Land Processes DAAC
- Ziegler, S. *et al.* 2016. Mapping Bushmeat Hunting Pressure in Central Africa. *Biotropica* **48**, 405–412.

Annexe 2*. Matrices de comparaison des facteurs de risque de *spillover* d'EBOV et poids obtenus pour les trois types de facteurs de risque considérés et les espèces potentiellement impliqués.

Matrice A2.1. Comparaison des facteurs environnementaux associés au risque de *spillover* d'EBOV.

Facteur B Facteur A	Couverture forestière	Terres agricoles	Ratio terres agricoles : couverture forestière	Déforestation	Productivité paysagère	Distance aux rivières	Distance aux chemins	Densité de population humaine	Poids
Couverture forestière	1	5	3	1	3	5	5	3	0.255
Terres agricoles		1	1/3	1/5	3	3	1	1/5	0.048
Ratio terres agricoles : couverture forestière			1	1/3	1	3	3	1/3	0.096
Déforestation				1	3	5	5	3	0.255
Productivité paysagère					1	3	3	1/3	0.096
Distance aux rivières						1	1/3	1/5	0.032
Distance aux chemins							1	1/3	0.05
Densité de population humaine								1	0.167

Matrice A2.2. Comparaison des facteurs climatiques associés au risque de *spillover* d'EBOV

Facteur A \ Facteur B	<i>Plage de température annuelle</i>	<i>Température moyenne annuelle</i>	<i>Précipitation moyenne mensuelle</i>	Poids
<i>Plage de température annuelle</i>	1	3	1/5	0.211
<i>Température moyenne annuelle</i>		1	1/5	0.102
<i>Précipitation moyenne mensuelle</i>			1	0.686

Matrice A2.3. Comparaison des facteurs liés à la consommation et commercialisation de la viande de brousse associés au risque de *spillover* d'EBOV

Facteur A \ Facteur B	<i>Aires de chasse de viande de brousse</i>	<i>Commercialisation de la viande de brousse</i>	<i>Densité de population humaine</i>	<i>Présence d'animaux domestiques</i>	Poids
<i>Aires de chasse de viande de brousse</i>	1	1	3	5	0.380
<i>Commercialisation de la viande de brousse</i>		1	3	5	0.380
<i>Densité de population humaine</i>			1	5	0.179
<i>Présence d'animaux domestiques</i>				1	0.062

*Pour toutes les matrices de comparaison : 5- le facteur A est beaucoup plus important que le facteur B ; 3- le facteur A est moyennement plus important que le facteur B ; 1- le facteur A est d'importance égal au facteur B ; 1/3- le facteur A est moyennement moins important que le facteur B ; 1/5 le facteur A est beaucoup moins important que le facteur B.

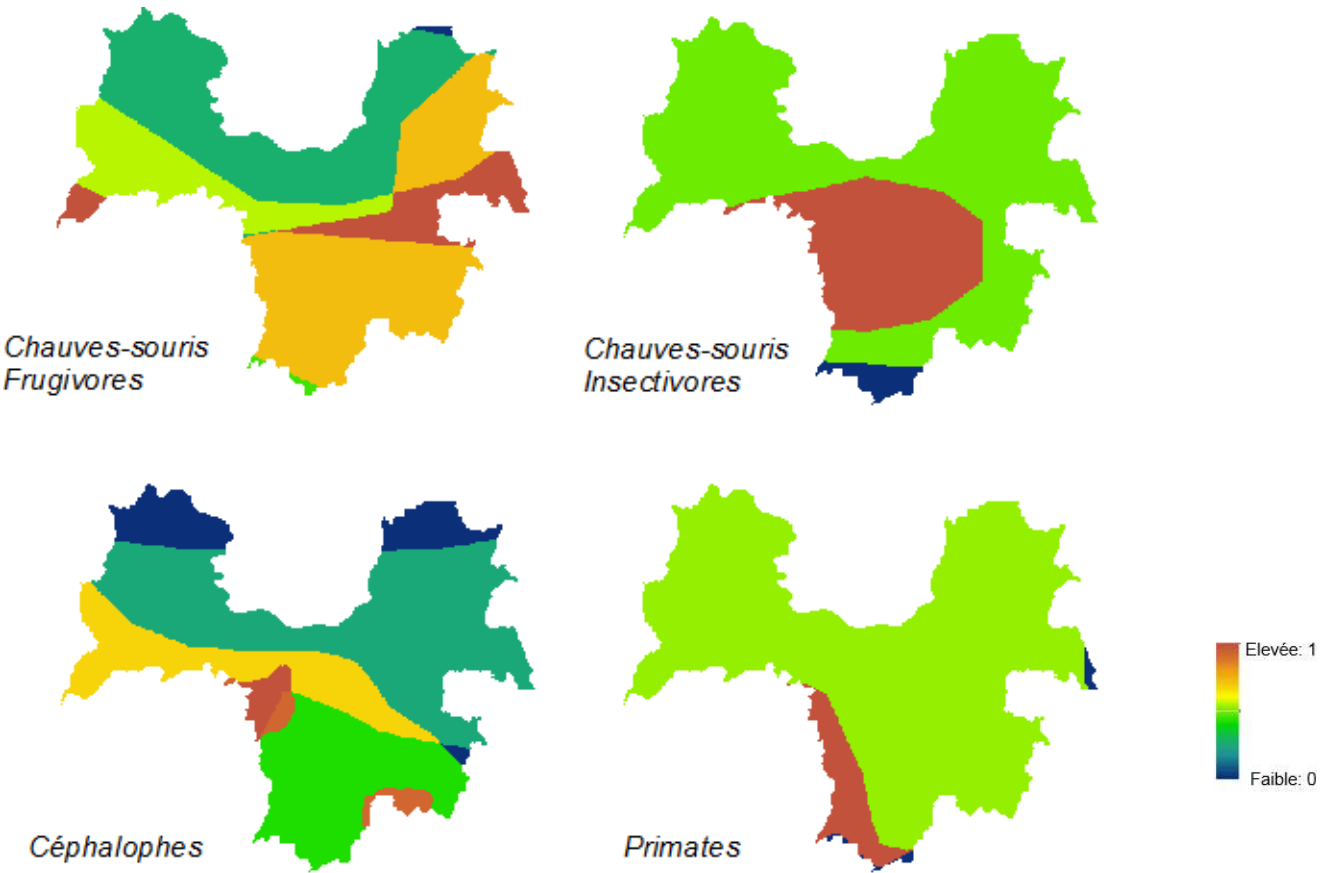
Tableau A2.1. Espèces considérées dans cette étude. Pour évaluer l'importance relative de chaque espèce, nous avons considéré si les espèces ont testé positives pour la présence de virus, pour la présence d'anticorps, si des mortalités massives des espèces et/ou si de cas d'infection humaine ont été associés à l'espèce.

Espèces (Nom scientifique)	Importance relative*	Espèces (Nom scientifique)	Importance relative*
<i>Chauves-souris frugivores</i>		<i>Céphalophes</i>	
<i>Eidolon helvum</i>	3	<i>Cephalophus dorsalis</i>	5
<i>Epomophorus gambianus</i>	3	<i>Cephalophus jentinki</i>	3
<i>Epomophorus labiatus</i>	3	<i>Cephalophus niger</i>	3
<i>Epomophorus wahlbergi</i>	3	<i>Cephalophus ogilbyi</i>	3
<i>Epomops franqueti</i>	5	<i>Cephalophus rufilatus</i>	3
<i>Hypsignathus monstrosus</i>	5	<i>Cephalophus silvicultor</i>	3
<i>Lissonycteris angolensis</i>	3	<i>Cephalophus zebra</i>	3
<i>Micropteropus pusillus</i>	3	<i>Philantomba maxwellii</i>	3
<i>Myonycteris torquata</i>	5	<i>Cephalophus callipygus</i>	3
<i>Rousettus aegyptiacus</i>	3	<i>Cephalophus leucogaster</i>	3
		<i>Cephalophus nigrifrons</i>	3
<i>Chauves-souris insectivores</i>		<i>Philantomba monticola</i>	3
<i>Chaerephon pumilus</i>	3		
<i>Miniopterus inflatus</i>	3	<i>Primates</i>	
<i>Mops condylurus</i>	5	<i>Cercopithecus nictitans</i>	1
<i>Otomops martiensseni</i>	3	<i>Pan troglodytes</i>	5
		<i>Gorilla gorilla</i>	5

*Références

- De Nys, H. M. et al. 2018. Survey of Ebola Viruses in Frugivorous and Insectivorous Bats in Guinea, Cameroon, and the Democratic Republic of the Congo, 2015–2017. *Emerging Infectious Diseases* 24, 2228–2240.
- Kupferschmidt, K. 2019. This bat species may be the source of the Ebola epidemic that killed more than 11,000 people in West Africa. *Science / AAAS* (2019). Available at: <https://www.sciencemag.org/news/2019/01/bat-species-may-be-source-ebola-epidemic-killed-more-11000-people-west-africa>. (Accessed: 16th May 2019).
- Lahm, S. A., Kombila, M., Swanepoel, R. & Barnes, R. F. W. 2007. Morbidity and mortality of wild animals in relation to outbreaks of Ebola haemorrhagic fever in Gabon, 1994–2003. *Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 101, 64–78.
- Leroy, E. M. et al. 2005. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature* 438, 575.
- Olival, K. J. & Hayman, D. T. S. 2011. Filoviruses in Bats: Current Knowledge and Future Directions. *Viruses* 6, 1759–1788.
- Rouquet, P. et al. 2005. Wild Animal Mortality Monitoring and Human Ebola Outbreaks, Gabon and Republic of Congo, 2001–2003. *Emerging Infectious Diseases* 11, 283–290.
- Swanepoel, R. et al. 1996. Experimental inoculation of plants and animals with Ebola virus. *Emerging Infectious Diseases* 2, 321–325.

Fig. A2.1. Cartes des quatre groupes d'espèces impliquées dans le *spillover* d'Ebolavirus. L'échelle est la même pour tous ; les zones tendant vers le rouge sont de zones où des espèces considérées comme plus importantes pour la transmission d'EBOV sont présentes.

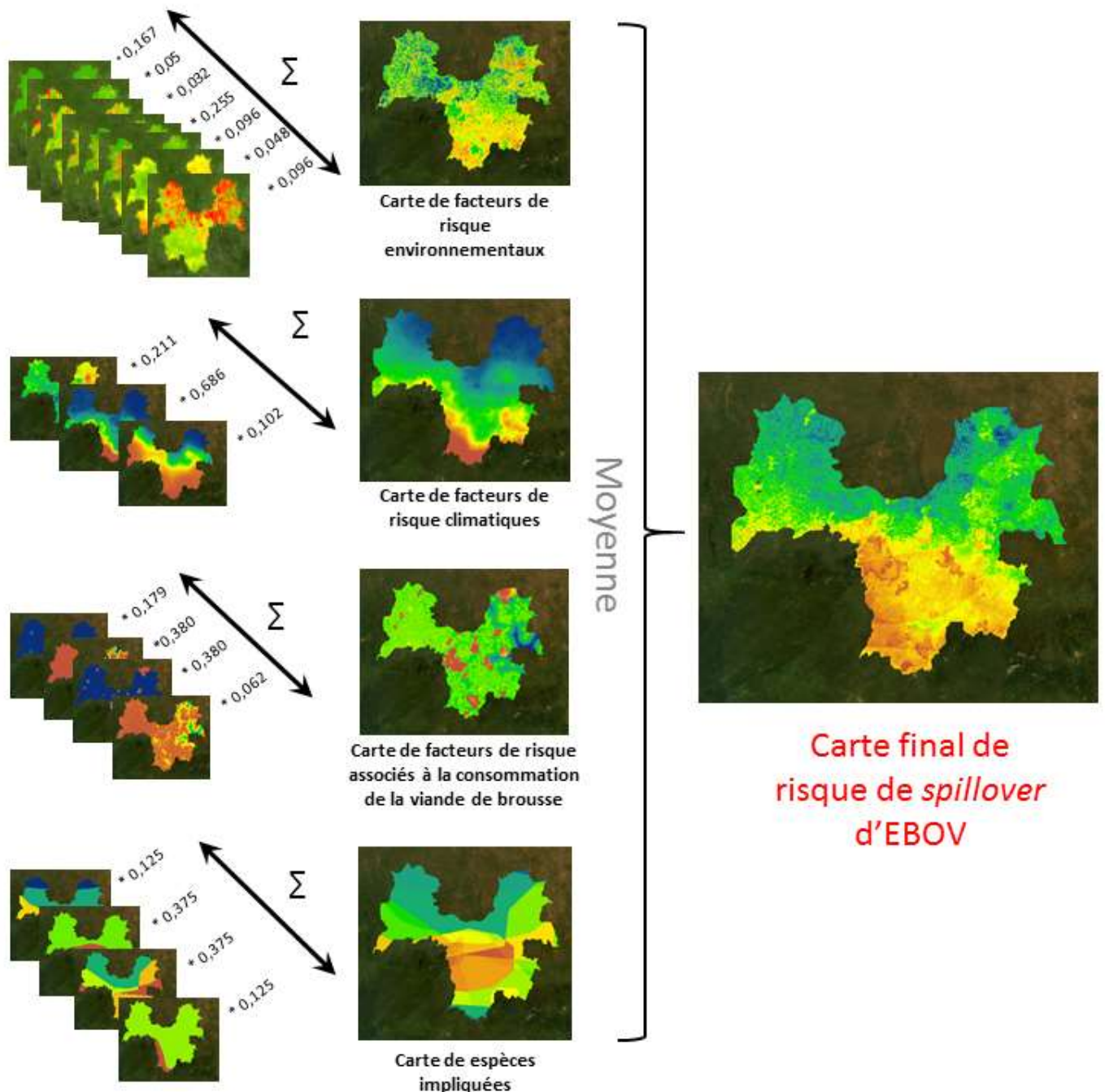


Matrice A2.4. Comparaison des quatre groupes d'espèces potentiellement impliqués dans le *spillover* d'EBOV

	<i>Chauves-souris frugivores</i>	<i>Chauves-souris insectivores</i>	<i>Céphalophes</i>	<i>Primates</i>	Poids
<i>Chauves-souris frugivores</i>	1	1	3	3	0.375
<i>Chauves-souris insectivores</i>		1	3	3	0.375
<i>Céphalophes</i>			1	1	0.125
<i>Primates</i>				1	0.125

Annexe 3. Schéma de création des cartes de favorabilité de spillover d'EBOV.

Fig. A3.1 Schéma de création des cartes de favorabilité de spillover d'EBOV. Les cartes de chaque facteur de risque sont multipliées par leurs poids respectifs. Ensuite les cartes correspondantes à chaque type de facteur de risque identifié sont agrégées pour produire les cartes intermédiaires. La carte finale de risque de spillover d'EBOV correspond à la moyenne des cartes de quatre types de risque.



Annexe 4. Résultats supplémentaires

A4.1. Distribution des valeurs du pixel dans les cartes de favorabilité de *spillover* pour mars et décembre 2013. Les lignes signalent la valeur du pixel dans les sites où aucune chauve-souris n'a été testée positive (bleu), et où au moins une chauve-souris a été testée positive à *Ebolavirus* (rouge) lors des campagnes d'échantillonnage en décembre 2016 et mars 2017. La ligne pointillée brune signale la valeur du pixel du site de *spillover* en décembre 2013.

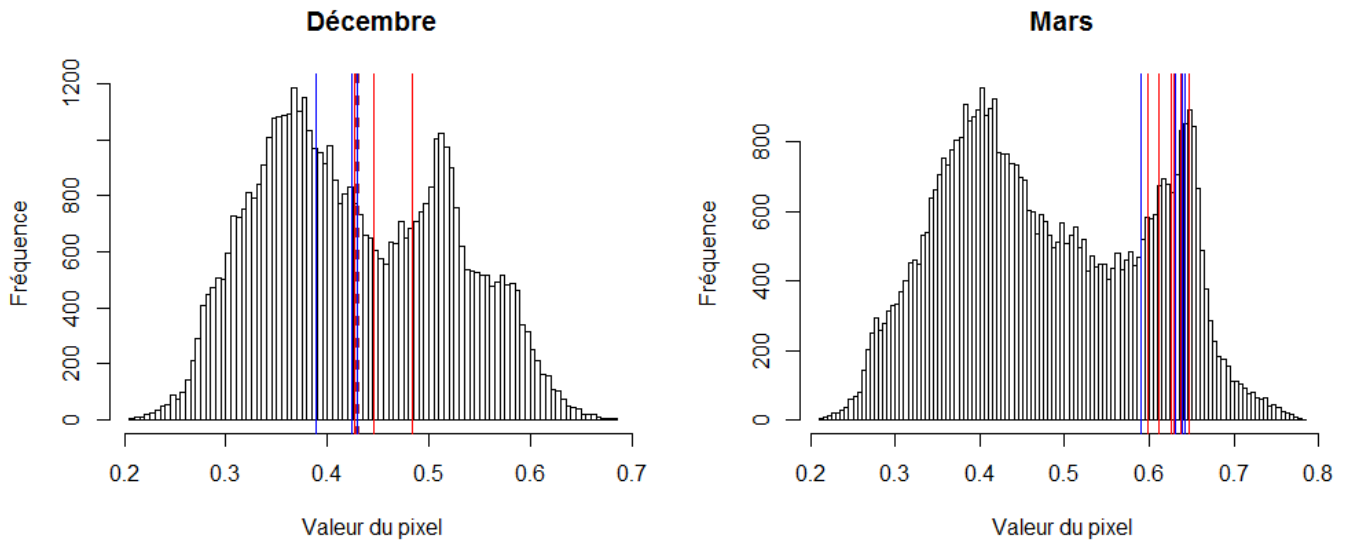


Fig. A4.2. Cartes de risque de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière en décembre 2013 par groupe d'espèces

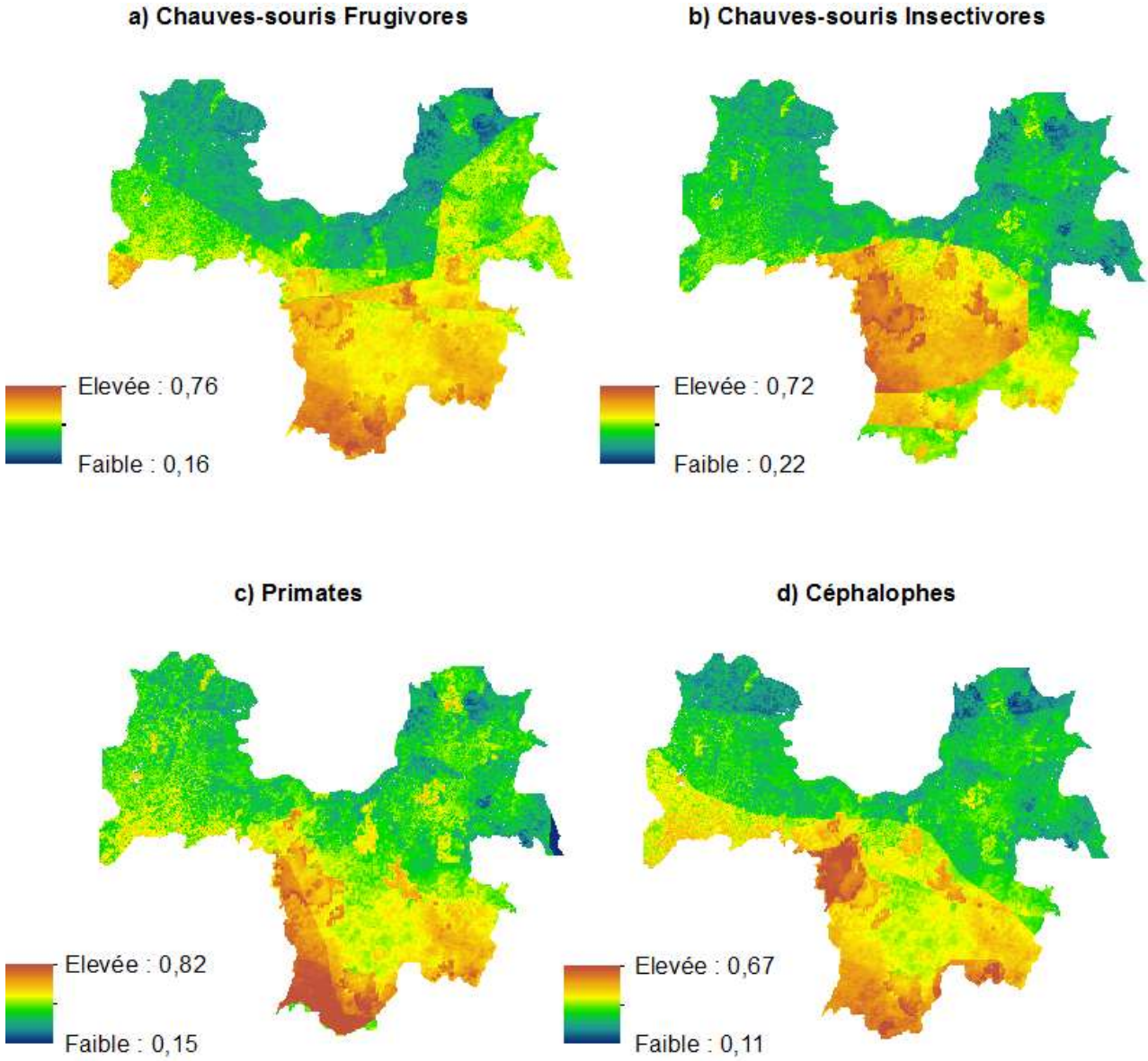


Fig. A4.3. Série temporelle des cartes de favorabilité de *spillover* d'EBOV en Guinée forestière en 2013.

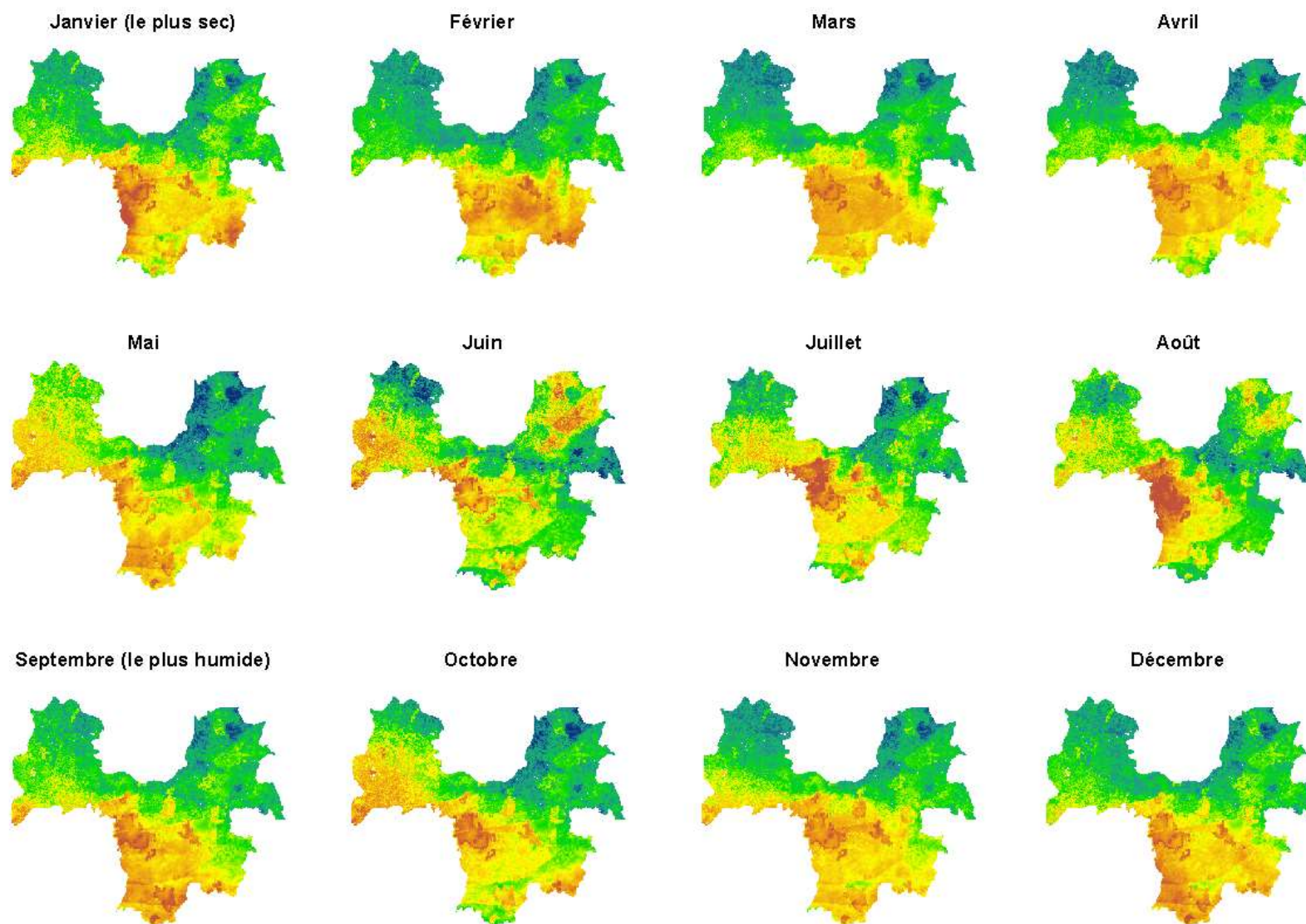


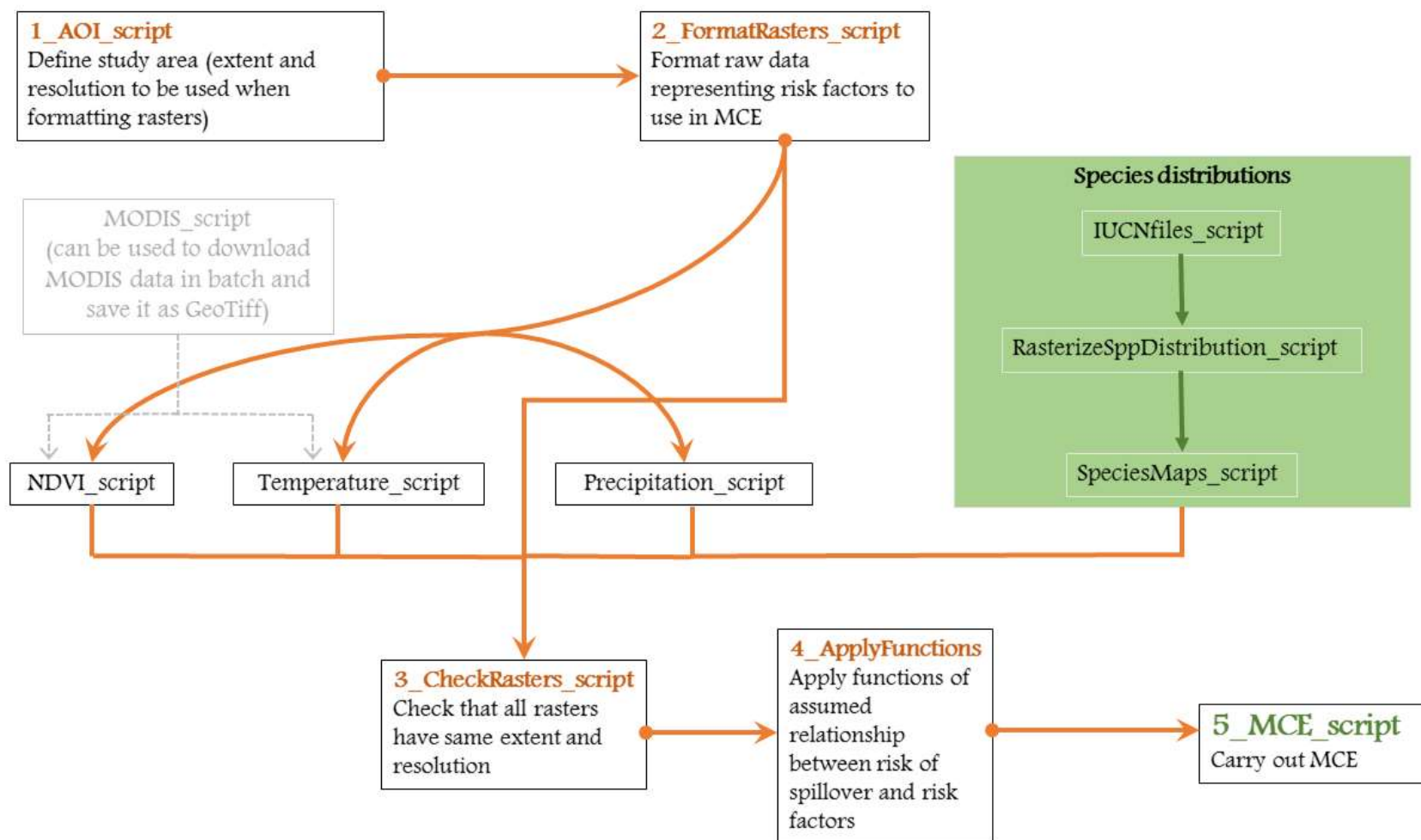
Tableau A4.1. Précipitation moyenne mensuelle et NDVI moyenne mensuel en Guinée forestière en 2013.

<i>Mois</i>	<i>Précipitation (mm)</i>	<i>NDVI</i>
Janvier	6.62	0.538
Février	21.23	0.492
Mars	100.0	0.602
Avril	101.07	0.685
Mai	141.90	0.726
Juin	248.49	0.713
Juillet	318.14	0.677
Août	356.18	0.672
Septembre	361.59	0.787
Octobre	227.09	0.770
Novembre	74.31	0.734
Décembre	31.0	0.652

Annexe 5. Scripts R pour réaliser le MCE

Figure A5.1 . Flowchart des scripts R pour réaliser le MCE

Flowchart to perform Spatial Multicriteria Evaluation



Script A5.1. AOI Script

```
## 1_AOI_script

## This script allows to create the spatial object from the shapefile for
each area of interest (Guinea and Congo)

## Shapefiles were downloaded from
##   https://data.humdata.org/dataset/guinea-geodatabase for Guinea
##   https://data.humdata.org/dataset/congo-administrative-boundaries for
Congo

#### Create spatial object of the area of interest ####

## A shapefile of Forested Guinea was created from the shapefile of entire
Guinea in ArcGis. This shapefile has 7 polygons, one for each prefecture
in Forested Guinea.
## From the shapefile of Forested Guinea, create a Spatial object with the
correct projection to be used in other functions

library(tidyverse)
library(sf)
library(sp)
library(ggplot2)
library(lwgeom)
library(raster)

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees" #path to working
directory
setwd(wd)

FG<-
read_sf(dsn="./Guinee/cartes_Guinee/Guinee_forestiere",layer="G_forestiere
") #Load shapefile of study area boundaries
ggplot(FG)+geom_sf()

FG$area<-st_area(FG) #computes area of polygons to get the total area of
all
FG<-
  FG%>%
  summarise(area=sum(area)) #summing the area of all polygons

ggplot(FG)+geom_sf()

# FG will be an 'sf' object

FG<-as_Spatial(FG,IDs="Forested_Guinea") #to convert to Spatial object
proj_WGS84=CRS("+init=epsg:4326") #define projection. Note that this is
only geographical coordinates and is not projected
proj_Dab81=CRS("+init=epsg:3462") #projection for Guinea, Dabola 1981 /
UTM zone 29N
FG_WGS84<-spTransform(FG,proj_WGS84) #Reprojection
FG_Dab81<-spTransform(FG,proj_Dab81) #Reprojection

Extent_WGS84<-extent(FG_WGS84) #create the extent area using the shape of
```

```

the area of interest
rast_WGS84<-raster(ncol=369, nrows=301,ext=Extent_WGS84,crs=proj_WGS84)
#create raster with no values
Extent_Dab81<-extent(FG_Dab81) #create the extent area using the shape of
the area of interest
rast_Dab81<-raster(ncol=369, nrows=301,ext=Extent_Dab81,crs=proj_Dab81)
#empty raster for reference to use to put all other rasters with this
extent and resolution

save(Extent_Dab81, Extent_WGS84, FG, FG_Dab81, FG_WGS84, proj_Dab81,
proj_WGS84, rast_Dab81, rast_WGS84, file="AOI.Rdata") #save to load at the
beginning of other scripts, so that objects will be loaded to the working
environment

## the resolution (given by the number of columns (ncol) and the number of
rows (nrows)) is aprox 1km (size of pixel).

### END ###

```

Script A5.2 FormatRasters Script

```

#####
#### FORMATING DATA FOR SPATIAL MULTICRITERIA EVALUATION ANALYSIS ####

library(raster)
library(rgdal)
library(sp)
library(rgeos)
library(gdalUtils)

## Data are various rasters downloaded from open access databases.
## Each raster corresponds to a variable associated to a risk factor of
Ebola virus spillover

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees\\" #path to
working directory where rasters are located, organized in different
folders
setwd(wd)

load("AOI.Rdata")

pathFD="D:/Larisa/Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa/Donnees/Formated_Data/"
#path to folder for saving formatted rasters

## Define projection and Extent####
## From Script 1.AOI the following objects were created
FG_WGS84      #shape of area of interest
Extent_WGS84  #extent of area of interest in WGS geog. coord. system
rast_WGS84    #raster of area of interest in WGS geog. coord. system
proj_Dab81=CRS("+init=epsg:3462") #projection for Guinea
Extent_Dab81 #extent of study area in projection for Guinea
rast_Dab81    #raster of study area in projection for Guinea

```

```
#####
### FOREST DATA ###

## Raster of percentage of forest cover; resolution 1km

GDALinfo(".\\Guinee\\Forest_Cover\\glc_shv10_04.tif") #to access metadata of raster
TFC<-raster(".\\Guinee\\Forest_Cover\\glc_shv10_04.tif") #load raster
TFC<-crop(TFC,FG_WGS84,snap="near") #cropping to area of interest
projection(TFC)<-proj_Dab81 #projecting the raster
TFC<-setExtent(TFC,Extent_Dab81) #setting correct extent
writeRaster(TFC,filename=
paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Forest_Dab81/Tree_forest_area_Dab81.tif"),
        overwrite=T) #save raster

#####
### CROPLAND ###

## Raster of percentage of cropland; resolution 1km

GDALinfo(".\\Guinee\\Cropland\\glc_shv10_02.tif") #to access metadata
Crops<-raster(".\\Guinee\\Cropland\\glc_shv10_02.tif") #load raster
Crops<-crop(Crops,FG_WGS84,snap="near") #cropping to area of interest
projection(Crops)<-proj_Dab81 #projecting the raster
Crops<-setExtent(Crops,Extent_Dab81) #setting correct extent
writeRaster(Crops,filename=
paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Cropland_Dab81/Cropland_Dab81.tif"),
        overwrite=T) #save raster

#####
### CROPLAND : TREE COVER RATIO ###

## Using the raster of Forest and Cropland, estimate the ratio of cropland to forest cover
## The two rasters need to be loaded

Ratio<-overlay(Crops,TFC,fun=function (x,y){x/(x+y)})
projection(Ratio)<-proj_Dab81
writeRaster(Ratio,filename=
paste0(pathFD,
        "/Guinee_Dab81/Forest_Crop_Ratio_Dab81/Forest_Crop_ratio_Dab81.tif"),
        overwrite=T)

#####
### NDVI ###

## Files are MOD13A3 products from NASA. They are 4hdf files. Two tiles cover the area of interest
## See script MODIS_script which allows to open a GUI to download MODIS images in batch
## See 'NDVI_script' for procedure to format hdf MODIS files to the final raster to use in MCE
```

```
#####
### TREE COVER LOSS ###

## The raster is the proportion of forest cover lost between 2001 to 2012;
resolution of 30m
## There are two tiles that cover the study area in Guinea.
## The two tiles were merged in ArcGis and the resulting raster is
"ForestCoverLoss_13.tif"

## Crop to area of interest
FCL<-raster(paste0(wd,"/Guinee/TreeCoverLoss/ForestCoverLoss_13.tif"))
#load raster
FCL<-projectRaster(FCL,crs=proj_WGS84) #to make sure it is in the correct
projection
FCL_c<-crop(FCL,Extent_WGS84,snap="near") #cropping to area of interest
FC_loss<-setExtent(FC_loss,ext=Extent_WGS84)
FC_loss.p<-aggregate(FC_loss,fact=30, fun=mean) #aggregate to have
resolution of 1km; fact= 30 comes from 1000m/30m
FC_loss.p<-setExtent(FC_loss.p,ext=Extent_WGS84)
FC_loss.p<-resample(FC_loss.p,rast_WGS84,method="bilinear") #there is a
difference of 1 column between the output raster and the model raster,
resampling is needed to get the exact resolutuion
FC_loss.p<-projectRaster(FC_loss,rast_Dab81) #reproject to Guinea area
writeRaster(FC_loss.p,filename=
  paste0(pathFD,
    "/Guinee_Dab81/ForestCoverLoss_Dab81/ForestCoverLoss2013_Dab81.tif"),
  overwrite=T)

## However the resulting raster has 122 negative values (of 111069 total
cells), because of the reprojection.
FC_loss.p[FC_loss.p<0] #see that negative values are very close to zero
FC_loss.B<-FC_loss
FC_loss.B[FC_loss.B < 0] <- 0 #reclassifying negative values as zeros
writeRaster(FC_loss.B,filename=paste0(pathFD,
  "/Guinee_Dab81/ForestCoverLoss_Dab81/ForestCoverLoss2013_Dab81_good.tif"),
  overwrite=T)

#####
### ROADS ###

# Roads, streets and path data are shapefiles downloaded from
OpenStreetMap.

roads<-
readOGR(dsn=paste0(wd,"/Guinee/Roads/Guinea_mainRoads"),layer="gin_trs_roa
ds_osm")
roads<-spTransform(roads,proj_WGS84) #Reprojection
roads<-crop(roads,FG) #crop to extent area
writeOGR(roads,dsn=paste0(wd,"/Guinee/Roads/Guinea_mainRoads_crop"),
  layer="roads",driver="ESRI Shapefile") #save cropped shapefile

streets<-
  readOGR(dsn=paste0(wd,"/Roads/Guinea_street&paths"),
  layer="gin_trs_streets_osm")
```

```

streets<-spTransform(streets,proj_WGS84) #Reprojection
streets<-crop(streets,FG,snap="near")
writeOGR(streets,dsn=paste0(wd,"/Roads/Guinea_street&paths_crop"),
        layer="streets",driver="ESRI Shapefile")

#The above shapefiles were merged using ArcGis to have one shapefile with
all roads and streets called "roadsANDstreet".
#Note that this are not in the correct projection for Guinea

### Projection to Dab81 projection to get the projected shapefile

roads<-
readOGR(dsn=paste0(wd,"Guinee/Roads/roads&street"),layer="roadsANDstreet")
#Load shapefile with all roads and streets, already cropped to the area of
interest
roads<-spTransform(roads,proj_Dab81)#Reprojection
writeOGR(roads,dsn=paste0(
    pathFD,"/Guinee_Dab81/Roads_Dab81/all_roads_Dab81"),
    layer="all_roads_Dab81",driver="ESRI Shapefile") #save reprojected
shapefile

# The resulting shapefile above was used to estimate Euclidean distance in
ArcGis using the raster "Tree_forest_area_Dab81.tif" to get resolution and
extent.
# Pixel size: 918,5666439; 921,3894846
# Extent: Top: 1072364.93935; Left: 310651.581122; Bottom: 795026.704489;
Right: 649602.672712
# This raster has a relative difference of 0.000087 in relation to ymin;
# a mean relative difference of 0.0033 in relation to the number of rows
and of 0.0015 in resolution.
# Therefore resampling was done to get exact extent and resolution as the
other rasters

roads_81<-
raster(paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Roads_Dab81/Roads_raster_Dab81/Roads_E
uclDist_Dab81.tif")) #Load raster of Euclidean distance to roads
roads_81_res<-resample(roads_81,rast_Dab81,method="bilinear")
writeRaster(roads_81_res,paste0(pathFD,
    "/Roads_Dab81/Roads_raster_Dab81/roads_EuclDist_Dab81_goodRes.tif"),
    overwrite=T) #save the raster of Euclidean distance in correct
projection and resolution

#####
### WATERWAYS ####

## The data is a shapefile of waterways in Guinea

## Projection to Dab81 projection to get the projected shapefile

rivers<-
readOGR(dsn=paste0(wd,"/Guinee/Rivers/Guinea_WaterAreas"),layer="GIN_water
_lines_dcw")
rivers_81<-spTransform(rivers,proj_Dab81) #Reprojection

```

```

rivers_81<-crop(rivers_81,FG_Dab81,snap="near") #cropping to area of
interest
writeOGR(rivers_81,dsn=paste0(
    pathFD,"/Guinee_Dab81/Rivers_Dab81/Rivers_Dab81"),
    layer="rivers_dab81",driver="ESRI Shapefile") #saving shapefile of
    rivers in Forested Guinea

# The resulting shapfile was used to calculate the Euclidean distance in
ArcGis with the Tree_forest_area_Dab81.tif as raster to get resolution and
extent.
# Pixel size: 918,5666439; 921,3894846
# Extent: Top: 1072364.93935; Left: 310651.581122; Bottom: 795026.704489;
Right: 649602.672712
# This raster has a relative difference of 0.000064 and 0.0011 in relation
to ymax and ymin respectively;
# a mean relative difference of 0.0066 in relation to the number of rows
and of 0.001 in resolution.

# Therefore a resampling was done to get a raster with the exact extent
and resolution as the others
rivers_81<-raster(paste0(pathFD,
    "/Guinee_Dab81/Rivers_Dab81/Rivers_raster/Rivers_EuclDist_Dab81.tif"))
#Load raster of Euclidean distance to rivers
rivers_81_res<-resample(rivers_81,rast_Dab81,method="bilinear")
writeRaster(rivers_81_res,paste0(
    pathFD,"/Rivers_Dab81/Rivers_raster/Rivers_EuclDist_Dab81_goodRes.tif"),
    overwrite=T) #save the raster of Euclidean distance in correct
    projection and resolution

#####
### PRECIPITATION ###

## Data is raster montly rainfall in mm, resolution 0.05 degrees
## see Precipitation_script for a loop to process all rasters within a
year, and to find the driest and wettest month

#####
### TEMPERATURE ###

## Data is MODIS data of land surface temperature
## See Temperature_script to process temperature data and to estimate
Temperature Annual Range and Annual Mean.

#####
### POPULATION ###

## Data is raster of population density (ie. persons/pixel) in 2013.
Resolution of 100m

Pop<-raster(paste0(wd,"/Guinee/Population/gin_ppp_2013.tif"))
Pop<-crop(Pop,Extent_WGS84) #cropping
Pop<-projectRaster(Pop,crs=proj_WGS84)

```



```

Pop_agg<-aggregate(Pop,fact=10, fun=mean) # aggregate to get resolution of
1km aprox
Pop_agg.res<-resample(Pop_agg,rast_WGS84,method="bilinear") #resampling to
get exact resolution
Pop_81<-projectRaster(Pop_agg.res,rast_Dab81) #reproject to Guinea
projection
writeRaster(Pop_81,
  paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Population_Dab81/Population2013_Dab81.tif"))
#####
### VILLAGES ###

## Village data were obtained from OpenStreetMap with the tag = 'place',
which are points
## Places were filtered to keep only villages (less than 10000 hab and
more than a hamlet) and hamlet (100-200 hab, only with some places for
housing and farms in rural areas)
## Thus there was a total of 2602 points which were rasterized and
reclassified in ArcGis so that pixels where a village or hamlet is present
has a value of 1 and 0 where there is none.
## The points and raster are already projected to the CRS Dabola 1981

village<-
raster(paste0(wd,"Guinee/Villages/villages_raster/villagesEThamlet_raster.
tif"))
village<-projectRaster(village,rast_Dab81)
writeRaster(village, filename =
  paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Villages_Dab81/villages_notReclass.tif"))
#save projected raster, but not reclassified

## The raster was reclassified ('villages_reclass.tif') so that villages
=1 and all rest=No Data in ArcGis
## From the reclassified raster, the euclidean distance was calculated in
ArcGis

dist_village<-raster(paste0(
  pathFD,"/Guinee_Dab81/Villages_Dab81/villages_EuclDist.tif")) #Load
raster of Euclidean distance from villages
dist_village<-projectRaster(dist_village,rast_Dab81) #to make sure that
extent and resolution are the same as for other rasters

## The relationship with the risk of spillover of EBOV is the inverse, ie.
it is assumed that the risk increases closer to the villages
## to calculate the inverse of the raster, the following was done:
dist_village_min<-cellStats(dist_village,'min') #get the min value
dist_village_max<-cellStats(dist_village,'max') #get the max value
dist_villageInv<-
(1 - ((dist_village - dist_village_min) / (dist_village_max -
dist_village_min))) * (dist_village_max - dist_village_min) +
dist_village_min
writeRaster(dist_villageInv,
filename =
paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Villages_Dab81/villages_EuclDistInv.tif"),
  overwrite=T) #save raster of the Inverse of the distance

```

```
#####
### BUSHMEAT HUNTING AREAS ###

## Since not much information/data was found for preferred hunting areas,
## it was assumed that hunting takes place preferably in classed forests
## A map of classed forests was obtained from the report "Stratégie
Nationale de gestion des éléphants en République de Guinée (2008)"
## This map was georeferenced and reclassified in ArcGis so that pixels in
classed forests have a value of 1 and the rest as zero as specified below.

bush<-raster(paste0(wd,"Guinee/Bushmeat/classed_forests_dab81.tif"))
#raster of classed forests
bush<-projectRaster(bush,rast_Dab81) #projected to Guinea projection
writeRaster(bush,filename=
  paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Bushmeat_Dab81/Bushmeat_Hunting.tif"),
  overwrite=T) ## save raster

#The raster above was reclassified in ArcGis to make sure that all values
> 0 are equal to 1, the resulting raster is called "BushmeatHunting_std"

bush<-
raster(paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Bushmeat_Dab81/BushmeatHunting_std.tif
"))
bush<-projectRaster(bush,rast_Dab81) #make sure that projection is the
correct one
writeRaster(bush,filename=paste0(
  pathFD,"/Guinee_Dab81/Bushmeat_Dab81/BushmeatHunting.tif"),overwrite=T)

#####
### STANDARDIZE rasters for GUINEA so that all have values 0-1 ###

## All rasters need to be standardized (values between 0 and 1) to be able
to be compared in MCE
## To standardize: X-min/max-min, where X is the raster, min and max are
the minimum and maximum value in the raster, respectively
## A mask is used so that all cells outside the study area become NoData

pathFD<-paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81") #path to rasters already in the
correct extent and projection for Guinea

FC_loss_81<-
raster(paste0(pathFD,"/ForestCoverLoss_Dab81/ForestCoverLoss2013_Dab81_goo
d.tif")) #Load raster
FC_loss_81<-mask(FC_loss_81,mask=FG_Dab81) # mask
FC_loss_min<-cellStats(FC_loss_81,'min') # get min value of raster
FC_loss_max<-cellStats(FC_loss_81,'max') # get max value of raster
FC_loss_std<-(FC_loss_81-FC_loss_min)/(FC_loss_max-FC_loss_min) #
standardize
writeRaster(FC_loss_std,paste0(
  pathFD,"/ForestCoverLoss_Dab81/ForestCoverLoss2013_std.tif"),overwrite=T)
#save standardized raster
```

```

rain_81<-
raster(paste0(pathFD,"/Precipitation_Dab81/rain_dec2013_Dab81.tif"))
rain_81<-mask(rain_81,mask=FG_Dab81)
rain_min<-cellStats(rain_81,'min')
rain_max<-cellStats(rain_81,'max')
rain_std<-(rain_81-rain_min)/(rain_max-rain_min)
writeRaster(rain_std,
  paste0(pathFD,"/Precipitation_Dab81/rain_Dec2013_std.tif"),overwrite=T)

TFC_81<-raster(paste0(pathFD,"/Forest_Dab81/Tree_forest_area_Dab81.tif"))
TFC_81<-mask(TFC_81,mask=FG_Dab81)
TFC_min<-cellStats(TFC_81,'min')
TFC_max<-cellStats(TFC_81,'max')
TFC_std<-(TFC_81-TFC_min)/(TFC_max-TFC_min)
writeRaster(TFC_std,paste0(
  pathFD,"/Forest_Dab81/Tree_forest_area_std.tif"),
  overwrite=T)

Crops_81<-raster(paste0(pathFD,"/Cropland_Dab81/Cropland_Dab81.tif"))
Crops_81<-mask(Crops_81,mask=FG_Dab81)
Crops_min<-cellStats(Crops_81,'min')
Crops_max<-cellStats(Crops_81,'max')
Crops_std<-(Crops_81-Crops_min)/(Crops_max-Crops_min)
writeRaster(Crops_std,paste0(pathFD,"/Cropland_Dab81/Cropland_std.tif"),
  overwrite=T)

ForestCrop_ratio<-raster(paste0(
  pathFD,"/Forest_Crop_ratio_Dab81/Forest_Crop_ratio_Dab81.tif")) ##
This has already values between 0 and 1 (see below to verify)
ForestCrop_ratio<-mask(ForestCrop_ratio,mask=FG_Dab81)
ratio_min<-cellStats(ForestCrop_ratio,'min')
ratio_max<-cellStats(ForestCrop_ratio,'max')
ratio_std<-(ForestCrop_ratio-ratio_min)/(ratio_max-ratio_min)
all.equal(values(ratio_std),values(ForestCrop_ratio)) #checking that
values are the same, so in reality no need to standardize
writeRaster(ratio_std,
  paste0(pathFD,"/Forest_Crop_ratio_Dab81/ForestCropRatio_std.tif"),
  overwrite=T) #Note that this had values already between 0 - 1

NDVI_81<-
raster(paste0(pathFD,"/NDVI_Dab81/NDVI_Dab81_dec2013_goodRes.tif"))
NDVI_81<-mask(NDVI_81,mask=FG_Dab81)
NDVI_min<-cellStats(NDVI_81,'min')
NDVI_max<-cellStats(NDVI_81,'max')
NDVI_std<-(NDVI_81-NDVI_min)/(NDVI_max-NDVI_min)
writeRaster(NDVI_std,paste0(
  pathFD,"/NDVI_Dab81/NDVI_std.tif"),overwrite=T)

Pop_81<-
raster(paste0(pathFD,"/Population_Dab81/Population2013_Dab81.tif"),
  overwrite=T)
Pop_81<-mask(Pop_81,mask=FG_Dab81)
Pop_min<-cellStats(Pop_81,'min')
Pop_max<-cellStats(Pop_81,'max')

```

```

Pop_std<-(Pop_81-Pop_min)/(Pop_max-Pop_min)
writeRaster(Pop_std,
  paste0(pathFD,"/Population_Dab81/Population2013_std.tif"), overwrite=T)

rivers_81<-raster(paste0(
  pathFD,"/Rivers_Dab81/Rivers_raster/Rivers_EuclDist_Dab81_goodRes.tif"),
  overwrite=T)
rivers_81<-mask(rivers_81,mask=FG_Dab81)
rivers_min<-cellStats(rivers_81,'min')
rivers_max<-cellStats(rivers_81,'max')
rivers_std<-(rivers_81-rivers_min)/(rivers_max-rivers_min)
writeRaster(rivers_std,
  paste0(pathFD,"/Rivers_Dab81/Rivers_raster/Rivers_EuclDist_std.tif"),
  overwrite=T)

roads_81<-raster(paste0(pathFD,
  "/Roads_Dab81/roads_raster_Dab81/roads_EuclDist_Dab81_goodRes.tif"))
roads_81<-mask(roads_81,mask=FG_Dab81)
roads_min<-cellStats(roads_81,'min')
roads_max<-cellStats(roads_81,'max')
roads_std<-(roads_81-roads_min)/(roads_max-roads_min)
writeRaster(roads_std,
  paste0(pathFD,"/Roads_Dab81/roads_raster_Dab81/roads_EuclDist_std.tif"),
  overwrite=T)

TempRange2013<-
raster(paste0(pathFD,"/Temperature_Dab81/AnnualTempRange_2013.tif"))
TempRange2013<-mask(TempRange2013,mask=FG_Dab81)
TempRange2013_min<-cellStats(TempRange2013,'min')
TempRange2013_max<-cellStats(TempRange2013,'max')
TempRange2013_std<-(TempRange2013-TempRange2013_min)/(TempRange2013_max-
TempRange2013_min)
writeRaster(TempRange2013_std,
  paste0(pathFD,"/Temperature_Dab81/Temperature_range_2013_std.tif"),
  overwrite=T)

MeanTemp2013<-
raster(paste0(pathFD,"/Temperature_Dab81/MeanTemp_2013.tif"))
MeanTemp2013<-mask(MeanTemp2013,mask=FG_Dab81)
MeanTemp2013_min<-cellStats(MeanTemp2013,'min')
MeanTemp2013_max<-cellStats(MeanTemp2013,'max')
MeanTemp2013_std<-(MeanTemp2013-MeanTemp2013_min)/(MeanTemp2013_max-
MeanTemp2013_min)
writeRaster(MeanTemp2013_std,
  paste0(pathFD,"/Temperature_Dab81/Mean_Temperature_2013_std.tif",
  overwrite=T))

Inv_dist_village<-
raster(paste0(pathFD,"/Villages_Dab81/villages_EuclDistInv.tif")) #raster
of the inverse of Euclidean distance from villages
Inv_dist_village<-mask(Inv_dist_village,mask=FG_Dab81)
Inv_dist_village_min<-cellStats(Inv_dist_village,'min')
Inv_dist_village_max<-cellStats(Inv_dist_village,'max')

```

```

Inv_dist_village_std<-(Inv_dist_village-
Inv_dist_village_min)/(Inv_dist_village_max-Inv_dist_village_min)
writeRaster(Inv_dist_village_std,
  paste0(pathFD,"/Villages_Dab81/villagesEuclDistInv_std.tif.tif"),
  overwrite=T)

bushmeat_hunting<-
raster(paste0(pathFD,"/Bushmeat_Dab81/BushmeatHunting.tif")) #the raster
is already standardized (since it was reclassified, see above)
bushmeat_hunting<-mask(bushmeat_hunting,mask=FG_Dab81)
writeRaster(bushmeat_hunting,
  paste0(pathFD,"/Bushmeat_Dab81/BushmeatHunting_std.tif"), overwrite=T)

### END ###

```

Script A5.3. CheckRasters Script

```

#### FINAL LAYERS FOR ANALYSIS ####

## Rasters have been formatted from raw data and have been standardized (0
to 1)
## This script allows to check if all rasters have the same extent and
resolution before applying the normalising functions (in
'ApplyFunctionsToRaster_script')

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees\\" #path to
working directory MTD
setwd(wd)

pathFD=paste0(wd,"/Formated_Data/") #path to folder with formatted rasters

## All layers must already have the same projection (ie.Dab81)

#####
## Loading data in Dab81 Projection ####

load("AOI.Rdata")

## From 1_AOI_script, the following objects need to be created
Extent_Dab81
rast_Dab81

## Load rasters
Tree_cover<-raster(
  paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Forest_Dab81/Tree_forest_area_std.tif"))
Crops<-
  raster(paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Cropland_Dab81/Cropland_std.tif"))
NDVI<-raster(paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/NDVI_Dab81/NDVI_std.tif"))
FC_loss<-raster(
  paste0(pathFD,
    "Guinee_Dab81/ForestCoverLoss_Dab81/ForestCoverLoss2013_std.tif"))

```

```

Ratio<-raster(paste0(
  pathFD,"Guinee_Dab81/Forest_Crop_ratio_Dab81/ForestCropRatio_std.tif"))
rivers<-raster(
  paste0(pathFD,
    "Guinee_Dab81/Rivers_Dab81/Rivers_raster/Rivers_EuclDist_std.tif"))
roads<-raster(
  paste0(pathFD,
    "Guinee_Dab81/Roads_Dab81/Roads_raster_Dab81/roads_EuclDist_std.tif"))
Pop<-raster(
  paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Population_Dab81/Population2013_std.tif"))
rain<-raster(
  paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Precipitation_Dab81/rain_dec2013_std.tif"))
tempRange<-raster(
  paste0(pathFD,
    "Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/AnnualTempRange_2013_std.tif"))
MeanTemp<-raster(
  paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/MeanTemp_2013_std.tif"))
villages<-raster(
  paste0(pathFD,
    "Guinee_Dab81/Villages_Dab81/villagesEuclDistInv_std.tif"))
bushmeat<-raster(
  paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/Bushmeat_Dab81/BushmeatHunting_std.tif"))

## To verify that extent and resolution are the same for all rasters, each
raster is compared with the initial Extent and raster in the Dabola 1981
projection.
## Here the raster for NDVI is checked
all.equal(extent(Extent_Dab81),extent(NDVI))
all.equal(ncol(rast_Dab81),ncol(NDVI))
all.equal(nrow(rast_Dab81),nrow(NDVI))
all.equal(res(rast_Dab81),res(NDVI))

#####
### Loading rasters for MCE ###

## This is an extra step to verify that all rasters have the exact same
extent and resolution before running the MCE

path_MCE<-paste0(wd,"Rasters_MCE/Guinee/") #path to MCE groups of rasters
path_species<-paste0(path_MCE,"Species/")
path_climate<-paste0(path_MCE,"Climate/")
path_environment<-paste0(path_MCE,"Environment/")
path_bushmeat<-paste0(path_MCE,"Bushmeat/")

## Load rasters
frugivorousBats<-raster(paste0(path_species,"Frugivorous_bats_std.tif"))
insectivorousBats<-
raster(paste0(path_species,"Insectivorous_bats_std.tif"))
duikers<-raster(paste0(path_species,"Duikers_std.tif"))
primates<-raster(paste0(path_species,"Primates_std.tif"))
Forest<-raster(paste0(path_environment,"Tree_cover.tif"))
Forest_loss<-raster(paste0(path_environment,"Forest_loss.tif"))

```

```

Crops<-raster(paste0(path_environment,"Crops.tif"))
CropForestRatio<-raster(paste0(path_environment,"CropForestRatio.tif"))
NDVI<-raster(paste0(path_environment,"NDVI_Dec2013_std.tif"))
Rivers<-raster(paste0(path_environment,"Rivers.tif"))
Roads<-raster(paste0(path_environment,"Roads.tif"))
Pop_ContactWild<-
  raster(paste0(path_environment,"PopulationContactWildlife.tif"))
TempRange2013<-raster(paste0(path_climate,"TempRange2013.tif"))
MeanTemp2013<-raster(paste0(path_climate,"MeanTemp2013.tif"))
Rain<-raster(paste0(path_climate,"chirps-2013.12.tif"))
bushmeat_trade<-raster(paste0(path_bushmeat,"bushmeatTrade.tif"))
bushmeat_hunting<-raster(paste0(path_bushmeat,"BushmeatHunting.tif"))
Pop_bushmeat<-raster(paste0(path_bushmeat,"Population_bushmeat.tif"))
Domestic_animals<-raster(paste0(path_bushmeat,"domestic_animals.tif"))

## Verify extent and resolution of rasters
all.equal(extent(Extent_Dab81),extent(NDVI))
all.equal(ncol(rast_Dab81),ncol(NDVI))
all.equal(nrow(rast_Dab81),nrow(NDVI))
all.equal(res(rast_Dab81),res(NDVI))#check resolution

### END ###

```

Script A5.4 ApplyFunctions Script

```

#####
### APPLYING FUNCTIONS TO STANDARDISED RASTERS ###

## This script is for applying the assumed function to each raster
representing a risk factor.

## All rasters have been standardised (values 0 to 1)
## All rasters have the same resolution and extent

## These are the equations for each curve
## x in each function should be the corresponding raster

y1<- x
y2<- 1-x
y3 <- 1 - (2*x-1)^2
y4 <- (2*x-1)^2
y5 <- sqrt(1 - x^2)
sigm <- function(x) 1 / (1 + exp(-(10*(x-1/2))))

y6 <- (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0))
y7 <- 1 - (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0))
y8 <- (exp(5*x) - exp(0))/(exp(5) - exp(0))
y9 <- (exp(5*(1-x)) - exp(0))/(exp(5) - exp(0))
y10 <- sqrt(1 - (1-x)^2)

#####
### To see the shape of each function run the following script ###

```



```

library(ggplot2)
library(ggpubr)
library(gridExtra)

x<-runif(500)
y1<- x
y2<- 1-x
y3 <- 1 - (2*x-1)^2
y4 <- (2*x-1)^2
y5 <- sqrt(1 - x^2)
sigm <- function(x) 1 / (1 + exp(-(10*(x-1/2))))

y6 <- (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0))
y7 <- 1 - (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0))
y8 <- (exp(5*x) - exp(0))/(exp(5) - exp(0))
y9 <- (exp(5*(1-x)) - exp(0))/(exp(5) - exp(0))
y10 <- sqrt(1 - (1-x)^2)

dat=data.frame(x,y1,y2,y3,y4,y5,y6,y7,y8,y9,y10)

par(mfrow=c(5,2))
p1<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y1))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust= 0.5))+labs(title="1")

p2<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y2))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="2")

p3<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y3))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="3")

p4<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y4))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="4")

p5<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y7))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="5")

p6<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y6))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="",breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="6")

p7<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y5))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="",breaks=c(0,1))+

```



```

scale_y_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="7")

p8<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y10))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="8")

p9<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y9))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="9")

p10<-ggplot(dat,aes(x=x, y=y8))+geom_line(color="blue", size=2)+
theme_classic()+scale_x_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
scale_y_continuous(name="", breaks=c(0,1))+
theme(plot.title=element_text(hjust=0.5))+labs(title="10")

par(xpd=NA)
figure<-grid.arrange(p1,p2,p3,p4,p5,p6,p7,p8,p9,p10,nrow=5)
annotate_figure(figure,
  bottom=text_grob("Facteur de Risque", face="bold",size=14),
  left=text_grob("Possibilité de spillover d'EBOV",
    face="bold",size=14,rot=90))
#####

## Applying the functions:

library(raster)
library(rgdal)
library(sp)
library(rgeos)
library(gdalUtils)

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees" #path to working
directory
setwd(wd)

pathFD=paste0(wd,"/Formatted_Data/") #path to folder with formatted rasters
path_data<-paste0(pathFD,"Guinee_Dab81/") # path for Guinee data rasters
path_Out<-paste0(wd,"/Rasters_MCE/")

#####
### VARIABLES RELATED TO CONTACT WITH WILD ANIMALS ###

### FOREST COVER ###

pathOut_Env<-paste0(path_Out,"/Guinee/Environment") #path to output
rasters of environmental variables for Guinee

## function: y3 <- 1-(2*x-1)^2

```

```

Tree_cover<-
raster(paste0(path_data,"/Forest_Dab81/Tree_forest_area_std.tif")) #Load
raster Guinea
x<-Tree_cover
Tree_cover <- 1 - (2*x-1)^2 #apply function
plot(Tree_cover)
writeRaster(Tree_cover,paste0(pathOut_Env,"/Tree_cover.tif"),overwrite=T)

### LANDSCAPE PRODUCTIVITY ####

## function: y3 <- 1-(2*x-1)^2
## It has been already applied, see NDVI_script
### CROPLAND #####

## function: y3 <-1 - (2*x-1)^2

Crops<-raster(paste0(path_data,"/Cropland_Dab81/Cropland_std.tif")) #Load
raster Guinea
x<-Crops
Crops<-1 - (2*x-1)^2
plot(Crops)
writeRaster(Crops,paste0(pathOut_Env,"/Crops.tif"),overwrite=T)

### RATIO CROPLAND:TREE COVER #####

## function: y3 <- 1-(2*x-1)^2

Ratio<-raster(
  paste0(path_data,"/Forest_Crop_ratio_Dab81/ForestCropRatio_std.tif"))
x<-Ratio
Ratio<-1 - (2*x-1)^2
plot(Ratio)
writeRaster(Ratio,paste0(pathOut_Env,"/CropForestRatio.tif"),overwrite=T)

### LOSS OF FOREST COVER #####

## function: y3 <- 1-(2*x-1)^2

Forest_loss<-raster(paste0(
  path_data,"/ForestCoverLoss_Dab81/ForestCoverLoss2013_std.tif"))
x<-Forest_loss
Forest_loss<-1 - (2*x-1)^2
plot(Forest_loss)
writeRaster(Forest_loss,paste0(pathOut_Env,"/Forest_loss.tif"),
  overwrite=T)

### DISTANCE TO WATERWAYS #####

## function: y5 <- sqrt(1 - x^2)

rivers<-raster(paste0(
  path_data,"/Rivers_Dab81/Rivers_raster/Rivers_EuclDist_std.tif"))
x<-rivers
rivers<- sqrt(1 - x^2)

```

```

plot(rivers)
writeRaster(rivers,paste0(pathOut_Env,"/Rivers.tif"),overwrite=T)

### DISTANCE TO ROADS ####

## function: y2<- 1-x

roads<-raster(paste0(
path_data,"/Roads_Dab81/roads_raster_Dab81/roads_EuclDist_std.tif"))
x<-roads
roads<-1-x
plot(roads)
writeRaster(roads,paste0(pathOut_Env,"/Roads.tif"),overwrite=T)

### HUMAN DENSITY POPULATION ####

## function: y3 <- 1-(2*x-1)^2

Pop<-raster(paste0(path_data,"/Population_Dab81/Population2013_std.tif"))
x<-Pop
Pop<- 1 - (2*x-1)^2
plot(Pop)
writeRaster(Pop,paste0(pathOut_Env,"/PopulationContactWildlife.tif"),
  overwrite=T)

#####
### VARIABLES RELATED TO CLIMATE ####

pathOut_Climate<-paste0(path_Out,"/Guinee/Climate/")    #path to output
rasters of climate variables for Guinea

### PRECIPITATION ####

## See Precipitation_script used to process all rainfall rasters in one
go, including the step of applying the function below

## function: y6 <- (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0))

### ANNUAL TEMPERATURE RANGE ####

## function: y7 <- 1-(sigm(x)-sigm(0))/(sigm(1)-sigm(0))

TempRange<-
raster(paste0(path_data,"/Temperature_Dab81/AnnualTempRange_2013_std.tif")
)
x<-TempRange
TempRange<- 1 - (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0))
plot(TempRange)
writeRaster(TempRange,paste0(pathOut_Climate,"TempRange2013.tif"),
  overwrite=T) #change file name according to place and year

### MEAN ANNUAL TEMPERATURE ####

```

```

## function: y1<- x (no need to apply function to raster, since it is
already standardized and the function is increasing linear)

Temp<-raster(paste0(path_data,"/Temperature_Dab81/MeanTemp_2013_std.tif"))
plot(Temp)
writeRaster(Temp,paste0(pathOut_Climate,"MeanTemp2003.tif"),overwrite=T)
#change file name according to place and year

#####
### VARIABLES RELATED TO BUSHMEAT ###

pathOut_Bushmeat<-paste0(path_Out,"/Guinee/Bushmeat/") #path to output
rasters of climate variables for Guinee

### DISTANCE TO VILLAGES ###

## Distance to village is used as a proxy for the bushmeat
trade/consumption and for the presence of the domestic animals. However
the relationship between it and spillover of EBOV is not considered the
same.

dist_village<-
raster(paste0(path_data,"/Villages_Dab81/villagesEuclDistInv_std.tif"))
#raster of Euclidean distance from villages in Guinee

## For bushmeat trade/ consumption the function is y1<- x

bushmeat_trade<-dist_village  #(no need to apply function to raster, since
it is already standardized and the function is increasing linear)
plot(bushmeat_trade)
writeRaster(bushmeat_trade,paste0(pathOut_Bushmeat,"BushmeatTrade.tif"),
  overwrite=T)

## For the presence of domestic animals the function is
## y10 <- sqrt(1-(1-x)^2)

domestic_animals<-dist_village
x<-domestic_animals
domestic_animals<- sqrt(1 - (1-x)^2)
plot(domestic_animals)
writeRaster(
  domestic_animals,paste0(pathOut_Bushmeat,"Domestic_animals.tif"),
  overwrite=T)

### BUSHMEAT HUNTING ###

##function: y1<- x

bushmeat_hunting<-
raster(paste0(path_data,"/Bushmeat_Dab81/BushmeatHunting_std.tif")) #(no
need to apply function to raster, since it is already standardized and the
function is increasing linear)
plot(bushmeat_hunting)

```

```

writeRaster(bushmeat_hunting,paste0(pathOut_Bushmeat,"BushmeatHunting.tif"
),
overwrite=T)

### HUMAN DENSITY POPULATION - BUSHMEAT ####
## the relationship as a risk factor associated to bushmeat is y1<- x

Pop<-raster(paste0(path_data,"/Population_Dab81/Population2013_std.tif"))
#no need to apply function as raster is already standardized and the
function is increasing linear
plot(Pop)
writeRaster(Pop,paste0(pathOut_Bushmeat,"Population_bushmeat.tif"),
  overwrite=T)

### END ###

```

Script A5.5 MCE Script

```

#####
### Spatial Multicriteria Evaluation ###

## First four maps are created:
# species map (contact with species associated to EBOV spillover)
# environmental risk factors map
# climatic risk factors map
# bushmeat risk factors map

## Weight for each risk factors is needed (from survey or literature
review)

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\" #path to working
directory
setwd(wd)

#####
### GUINEA ####

## Paths to save results
path_Results<-paste0(wd,"/Results/")
path_ResGuinee<-paste0(path_Results,"/ResultsGuinee/") #path to save
resulting maps

## Paths to load rasters
path_MCE<-paste0(wd,"/Donnees/Rasters_MCE/Guinee/")
path_species<-paste0(path_MCE,"Species/")
path_climate<-paste0(path_MCE,"Climate/")
path_environment<-paste0(path_MCE,"Environment/")
path_bushmeat<-paste0(path_MCE,"Bushmeat/")

### GUINEA SPECIES ####

species<-list.files(paste0(path_species)) #list of group of species

```

```

sp.weights<-c(0.125,0.375,0.375,0.125) #Weights for each species group.
This needs to be in the order of the rasters (see command list.files
above)
species_stack<-stack(paste0(path_species,species))
species_multip<-sp.weights*species_stack #multiplying each raster with
its corresponding weight
species_map<-overlay(species_multip, fun=sum, unstack=T,
  filename= paste0(path_ResGuinee,"species_map.tif"),overwrite=T)

### GUINEA ENVIRONMENTAL VARIABLES ####

environment<-list.files(paste0(path_environment))
env.weights<-c(0.096,0.048,0.255,0.096,0.167,0.032,0.05,0.255) #weight for
each environmental risk factor. Needs to be in the order of the rasters
env_stack<-stack(paste0(path_environment,environment))
env_multip<-env.weights*env_stack
environmet_map<-overlay(env_multip,fun=sum,unstack=T,
  filename=paste0(path_ResGuinee,"/environment_map_dec2013.tif"),
  overwrite=T)

# For the time series, the only raster that changes each month is the NDVI
for the environmental map.
# The raster for each month needs to be copied (sequentially) to the
folder that has the environmental variables to create the environment map
for each month.

### GUINEA CLIMATE VARIABLES ####

climate<-list.files(paste0(path_climate))
climate.weights<-c(0.686,0.102,0.211)
climate_stack<-stack(paste0(path_climate,climate))
climate_multip<-climate.weights*climate_stack
climate_map<-overlay(climate_multip,fun=sum,unstack=T,
  filename=paste0(path_ResGuinee,"/climate_map_dec2013.tif"),overwrite=T)
#change name according to month used for rainfall

# For the time series, the only raster that changes each month is the
rainfall.
# The raster for each month needs to be copied (sequentially) to the
folder that has the climate variables to create the climate map for each
month.

### GUINEE BUSHMEAT VARIABLES ####

bushmeat<-list.files(paste0(path_bushmeat))
bushmeat.weights<-c(0.38,0.38,0.062,0.179)
bushmeat_stack<-stack(paste0(path_bushmeat,bushmeat))
bushmeat_multip<-bushmeat.weights*bushmeat_stack
bushmeat_map<-overlay(bushmeat_multip,fun=sum,unstack=T,
  filename=paste0(path_ResGuinee,"bushmeat_map.tif"),overwrite=T)

```

```

#### GUINEE FINAL MAP OF SUITABILITY OF EBOV SPILLOVER ####

## Make sure that a map for species, climate, environment and bushmeat is
in the folder 'MapsRunMCE'.
## Different species, environment, climate or bushmeat maps can be used to
build different suitability maps, just make sure that the maps you want to
compare are the ones in the 'MapsRunMCE' folder:

path_maps<-"D:/Larisa/Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa/Results/MapsRunMCE/"

maps<-list.files(paste0(path_maps))
maps_stack<-stack(paste0(path_maps,maps))
EBOV_spillover<-mean(maps_stack)
writeRaster(EBOV_spillover,
  paste0(path_ResGuinee,"/FinalMaps/Guinee_Spillover_dec2013.tif"),
  overwrite=T)

### END ###

```

Script A5.6. IUCNfiles Script

```

#####
### UNZIP SPECIES DISTRIBUTION DATA ###

## These script is for unzipping and renaming files of species
distributions from IUCN.
## The files that are downloaded from the IUCN website all have the same
name (ie. data) with no reference to the name of the species.
## Thus in the second part of the script the files are renamed with the
species name.

# Data downloaded as .zip files from the IUCN website
# Data are shapefiles of species distribution

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees\\" #path to
working directory
setwd(wd)

pathZip<-paste0(wd,"/Guinee/Species/IUCN/") #path to zipped species data

### Frugivorous Bats ####

zip_BatsF<-
list.files(path=paste0(pathZip,"Frugivorous_bats/"),pattern=".zip") # get
a list of ".zip" files for frugivorous bats
path_BatsF<-paste0(pathZip,"Frugivorous_bats/") #path to folder to save
the data for Frugivorous bats

ziplist<-zip_BatsF

```

```

for(zipfile in ziplist) {
  outfolder <- gsub(".zip","",zipfile) # decide on a name for an output
  folder
  dir.create(paste0(path_BatsF,outfolder))# create the output folder
  unzip(zipfile=paste0(path_BatsF,zipfile),
  exdir=paste0(path_BatsF,outfolder), overwrite=FALSE )# unzip into the new
  output folder
}

### Insectivorous bats ####

zip_BatsIN<-
list.files(path=paste0(pathZip,"Insectivorous_bats/"),pattern=".zip") #
path_BatsIN<-paste0(pathZip,"Insectivorous_bats/")

ziplist<-zip_BatsIN

for(zipfile in ziplist) {
  outfolder <- gsub(".zip","",zipfile) # decide on a name for an output
  folder
  dir.create(paste0(path_BatsIN,outfolder))# create the output folder
  unzip(zipfile=paste0(path_BatsIN,zipfile),
  exdir=paste0(path_BatsIN,outfolder), overwrite=FALSE )# unzip into the new
  output folder
}

### Duikers ####

zip_Duikers<-list.files(path=paste0(pathZip,"Duikers/"),pattern=".zip") #
path_Duikers<-paste0(pathZip,"Duikers/")

ziplist<-zip_Duikers

for(zipfile in ziplist) {
  outfolder <- gsub(".zip","",zipfile) # decide on a name for an output
  folder
  dir.create(paste0(path_Duikers,outfolder))# create the output folder
  unzip(zipfile=paste0(path_Duikers,zipfile),
  exdir=paste0(path_Duikers,outfolder), overwrite=FALSE )# unzip into the
  new output folder
}

### Primates ####

zip_Primates<-list.files(path=paste0(pathZip,"Primates/"),pattern=".zip")
path_Primates<-paste0(pathZip,"Primates/")

ziplist<-zip_Primates

```



```

for(zipfile in ziplist) {
  outfolder <- gsub(".zip","",zipfile) # decide on a name for an output
  folder
  dir.create(paste0(path_Primates,outfolder))# create the output folder
  unzip(zipfile=paste0(path_Primates,zipfile),
  exdir=paste0(path_Primates,outfolder), overwrite=FALSE )# unzip into the
  new output folder
}

#####
### Renaming the files ###

## The loop below is more efficient than doing it this way

## Rename files with the species name, within each species folder ##

# path_Sp<-paste0(wd,"/Guinee/Species/IUCN/")
#
# path_Duikers<-paste0(path_Sp,"Duikers/") #specify location of all files
for group
# path_Ceph_dors<-paste0(path_Duikers,"Cephalophus_dorsalis/") #specify
location of species
# Ceph_dors<-list.files(path_Ceph_dors,pattern="data_0",full.names=T) #get
path for each file
#
# #apply function to rename files
# sapply(Ceph_dors,FUN=function(eachPath){
#
# file.rename(from=eachPath,to=sub(pattern="data_0",replacement="Cephalophus
_dorsalis",eachPath))
# })

## Instead of this, the loop below can be used to rename all files within
the same group of species

#####
### Looping within the folder for a group of species ###

## This loop allows to rename all files within the same group.

path_Sp<-paste0(wd,"/Guinee/Species/IUCN/") #path to folder with species

path_Duikers<-paste0(path_Sp,"Duikers/") #path to Duiker species
path_FrugiBats<-paste0(path_Sp,"Frugivorous_bats/") #path to Frugivorous
bat species
path_InsectBats<-paste0(path_Sp,"Insectivorous_bats/") #path to
Insectivorous bat species
path_Primates<-paste0(path_Sp,"Primates/") #path to Primate species

#####

## Note that the path to each species group needs to be changed
accordingly and the loop re-run.

```

```

## Here the loop for Duikers is shown

list_Species<-list.files(path_Duikers)

for (i in 1:length(list_Species)){
  zip_Files=list.files(path_Duikers,pattern=".zip") #list .zip files
  list_Species=list_Species[!list_Species %in% zip_Files] #remove .zip
files
  Species=list.files(paste0(path_Duikers))[i] #get list of folders for
species
  pathSP=paste0(path_Duikers,Species) #get path for each species
  Each_file=list.files(pathSP,pattern="data_0",full.names=T) #list of
paths to each file within a species folder

  file.rename(from=Each_file,to=sub(pattern="data_0",replacement=Species,Eac
h_file)) #renaming each file with the species name
}

## Change the path to each group accordingly and re-run the loop for each
group of species

### END ###

```

Script A5.7. RasterizeSppDistribution Script

```

#####
### Rasterize species distributions ###

## Species distributions are polygons downloaded from the IUCN website
## See IUCNfiles_script' for loops to unzip and rename files with species
name
## The aim here is to rasterize the vector of spp distribution for each
species

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees" #path to working
directory
setwd(wd)

pathFD=paste0(wd,"/Formatted_Data/Guinee_Dab81/") #path to folder with
formatted rasters

library(rgdal)
library(sf)

## Projection and extent objects from the 1_AOI_script

load("AOI.RData")
proj_Dab81
FG_Dab81
Extent_Dab81
rast_Dab81

```

```
#####

## Raster or species distribution step by step
## See Loop below to process all species within a folder

# path_SP<-paste0(wd,"/Guinee/Species/IUCN/") #path to species data
Pan_D<-readOGR(dsn=paste0(path_SP,"/Primates/Pan_troglodytes"),
  layer="Pan_troglodytes") #Load shapefile

Pan_D<-spTransform(Pan_D,proj_Dab81) #reproject shapefile (in case it
has different projection from shapefile)

Pan_D<-rasterize(Pan_D,rast_Dab81,field="PRESENCE",background=0) # will
use the field 'PRESENCE' to fill the values of the raster that are within
the polygon; for values outside the polygon it will give a zero

Pan_D<-mask(Pan_D,mask=FG_Dab81) #masking area outside area of interest
writeRaster(
  Pan_D,filename=paste0(pathFD_81,
  "/Species_Dab81/Primates_Dab81/Pan_troglodytes_Dab81.tif") ,
  overwrite=T) #saves raster

### LOOP for rasterizing species distribution ####
# Same as above but in a loop to do all species within a folder
# The name of folders need to be changed according to each group of
species before re-running the loop

proj_Dab81 #projection
Extent_Dab81 #extent area using the shape of the area of interest
rast_Dab81 #empty raster with the correct dimensions and projection
FG_Dab81 #shapefile of Forested Guinea

dir.create(paste0(pathFD,"Species_Dab81")) #create folder to save rasters
of species

# Paths to get data
path_Sp<-paste0(wd,"/Guinee/Species/IUCN/") #path to folder with species
data

path_Gp_Sp<-paste0(path_Sp,"/Insectivorous_bats/") #path to get data for a
group of spcies.It needs te be change according to each group of spp

# Paths to save output rasters
dir.create(paste0(pathFD,"/Species_Dab81/Insectivorous_bats_Dab81"))
#create folder to save rasters for each group of species. It needs te be
change according to each group of spp
pathFD_Sp<-paste0(pathFD,"/Species_Dab81/Insectivorous_bats_Dab81/") #path
to save output rasters. It needs te be change according to each group of
spp

list_Species<-list.files(path_Gp_Sp) #List of species within a folder
```

```

for (i in 1:length(list_Species)){
  zip_Files=list.files(path_Gp_Sp,pattern=".zip") #list .zip files
  list_Species=list_Species[!list_Species %in% zip_Files] #remove .zip
files
  Species=list_Species[i] #get list of folders for species
  Shape=readOGR(dsn=paste0(path_Gp_Sp,Species))
  Shape=spTransform(Shape,proj_Dab81) #reproject shapefile
  Raster=rasterize(Shape,rast_Dab81,field="PRESENCE",background=0)
  Raster=mask(Raster,mask=FG_Dab81)
  writeRaster(Raster,filename=paste0(pathFD_Sp,Species,"_Dab81.tif"),
    overwrite=T)
}

#####
## IUCN has a code to define the presence of a species where:
# 1 = extant
# 2 = Probably extant (ambiguous)
# 3 = Possibly extant
# 4 = Possibly extinct
# 5 = Extinct
# 6 = Presence uncertain

## For all species, the rasters had either 1=present or 0=absent in the
rasters used for the MCE

### END ###

```

Script A5.8. SpeciesMaps Script

```

#####
### PROCESSING OF SPECIES DISTRIBUTION MAPS ###

# Distribution maps (rasters of presence/absence) are loaded
# Each species map is multiplied by the average probability of it being a
host or implicated in spillover according to experts or decided upon a
given criteria.
# Eg. For the Franquet's epauletted fruit bat (Epomops franqueti) the
average probability given was 8.82.
# Thus in the original map where presence = 1, after multiplication, those
pixels will be 8.82.
# Absence is zero, so it will remain zero after multiplication

# Here we use weights decided from criteria and information found in a
literature review.

library(raster)
## Loading required package: sp
wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\" #path to working
directory
setwd(wd)

load(paste0(wd,"/Donnees/AOI.RData"))

```

```

#Objects from
proj_Dab81 #projection for Guinea
FG_Dab81  #shape of study area in Guinea

pathFD=paste0(wd,("/Donnees/Formated_Data/Guinee_Dab81/"))

dir.create(
paste0(wd,"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/")) #create folder to
save rasters of species multiplied by their weights
dir.create(paste0
(wd,"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/Multiplied_Sp/")) #create to
save rasters of species multiplied by their weights
dir.create(paste0(
wd,"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/FinalRasters_Sp/")) #create
folder to save final rasters of species
path_Out=paste0(
wd,"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/Multiplied_Sp/") #path to
save multiplied rasters in the folder just created
path_OutFinal=paste0(
wd,"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/FinalRasters_Sp/") #path to
save final rasters in the folder just created

#####
### FRUGIVOROUS BATS ###

## Average probability for frugivorous bat species

# African straw-coloured fruit bat (Eidolon helvum) 3
# Gambian epauletted fruit bat (Epomophorus gambianus) 3
# Ethiopian epauletted fruit bat (Epomophorus Labiatus) 3 #not in
Forested Guinea
# Wahlberg's epauletted fruit bat (Epomophorus wahlbergi) 3 #not in
Forested Guinea
# Franquet's epauletted fruit bat (Epomops franqueti) 5 #not in
Forested Guinea
# Hammer-headed frut bat (Hypsignathus monstrosus) 5
# Angolan fruit bat (Lissonycteris angolensis) 3
# Peter's dwarf epauletted fruit bat (Micropteropus pusillus) 3
# Little collared fruit bat (Myonycteris torquata) 5# not in
Forested Guinea
# Egyptian fruit bat (Rousettus aegyptiacus) 3

dir.create(paste0(wd,
"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/Multiplied_Sp/Frugivorous_bats_mult
"))
#create folder to save multiplied raster for this group
pathSp=paste0(pathFD,"/Species_Dab81/Frugivorous_bats_Dab81/") #path to
access data of each group of species

list_Species<-list.files(pathSp) #List of species in each group

Avg_host<-c(3,3,3,3,5,5,3,3,5,3) #Average probability. This has to be in
the same order as R will read the tif files. See list_Species to see order

```

```

for (i in 1:length(list_Species)){
  Species=list_Species[i]                                #get species
  Raster_Sp<-raster(paste0(pathSp,Species))              #load raster of species
  Species_mult<-Raster_Sp*Avg_host[i]                   #multiply by average
  probability of being host
  Species_mult<-Species_mult*0.1                         #multiply by 0.1 to get
  values                                                  between 0 and 1
  Species_mult=mask(Species_mult,mask=FG_Dab81)          #mask
  writeRaster(Species_mult,filename=paste0(
    path_Out,"/Frugivorous_bats_mult/",substr(
    Species,1,nchar(Species)-4),"_mult.tif"),overwrite=T) #save raster
}

# Remove species not present in the study area and calculate final raster
for the group
Sp_not_AOI<-c("Epomophorus_labiatus_Dab81_mult.tif",
              "Epomophorus_wahlbergi_Dab81_mult.tif",
              "Epomops_franqueti_Dab81_mult.tif",
              "Myonycteris_torquata_Dab81_mult.tif")
              #species not present in the area of
              interest

Avg.Species=list.files(paste0(path_Out,"Frugivorous_bats_mult/"))
              #List of average probability rasters of species

Avg.Species=Avg.Species[!Avg.Species %in% Sp_not_AOI]
              #removing spp that are not in the AOI.

stack_Avg.Species<-
  stack(paste0(path_Out,"Frugivorous_bats_mult/",Avg.Species)) #stack
  raster of all species within a group that are in AOI

sum_frugi_bats<-sum(stack_Avg.Species)                  #adding rasters within the stack
final_frug<-sum_frugi_bats/length(Avg.Species)          # dividing by the total
of species within the group that are in AOI

writeRaster(final_frug,filename=paste0(
  path_OutFinal,"/Frugivorous_bats_final.tif"),overwrite=T) #save
raster

## Plotting stack ####
plot(stack_Avg.Species, col=rev(rainbow(99,start=0,end=1)),
breaks=seq(min(minValue(stack_Avg.Species)),max(maxValue(stack_Avg.Species
)),length.out=100) )

P.stack<-projectRaster(stack_Avg.Species, crs=proj_WGS84) #change
projection only for plotting in Lat - Long
spplot(P.stack,scales = list(draw = TRUE),colorkey=T,
names.attr=paste0(substr(Avg.Species,1,nchar(Avg.Species)-15)),
col.regions = rev(terrain.colors(20)))

## Plotting final raster ####
P.frug<-projectRaster(final_frug, crs=proj_WGS84)
spplot(P.frug,scales = list(draw = TRUE),colorkey=T,

```

```

    main="Chauves-souris Frugivores",
    col.regions = rev(terrain.colors(20)))

#### REPEAT PROCEDURE FOR THE OTHER GROUPS ####

#####
### INSECTIVOROUS BATS ####

## Average probability for insectivorous bat species

# Little free-tailed bat (Chaerephon pumilus)           3
# Greater long-fingered bat (Miniopterus inflatus)      3
# Angolan free-tailed bat (Mops condylurus)             5
# Large-eared free-tailed bat (Otomops martiensseni)    3 #not present
                                                    in Forested Guinea

dir.create(paste0(wd,
"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/Multiplied_Sp/Insectivorous_bats_mu
lt"))

pathSp=paste0(pathFD,"/Species_Dab81/Insectivorous_bats_Dab81/")
list_Species<-list.files(pathSp)

Avg_host<-c(3,3,5,3) #Average probability. This has to be in the same
order as R will read the tif files. See list_Species to see order

for (i in 1:length(list_Species)){
  Species=list_Species[i]
  Raster_Sp<-raster(paste0(pathSp,Species))
  Species_mult<-Raster_Sp*Avg_host[i]
  Species_mult<-Species_mult*0.1
  Species_mult=mask(Species_mult,mask=FG_Dab81)

writeRaster(Species_mult,filename=paste0(path_Out,"Insectivorous_bats_mult
/",substr(Species,1,nchar(Species)-4),"_mult.tif"),overwrite=T)
}

Sp_not_AOI<-c("Otomops_martiensseni_Dab81_mult.tif") #species not present
                                                    in the area of interest

Avg.Species=list.files(paste0(path_Out,"Insectivorous_bats_mult/"))
Avg.Species=Avg.Species[!Avg.Species %in% Sp_not_AOI]
stack_Avg.Species<-
  stack(paste0(path_Out,"Insectivorous_bats_mult/",Avg.Species))
sum_insect_bats<-sum(stack_Avg.Species)
final_insect<-sum_insect_bats/length(Avg.Species)
writeRaster(final_insect,filename=paste0(
  path_OutFinal,"/Insectivorous_bats_final.tif"),overwrite=T)

#####
### DUIKERS ####

## Average probability for DUIKERS

```



```

# Only duikers present in forested Guinea:
# Bay duiker (Cephalophus dorsalis)          5
# Jentink's duiker (C. jentinki)             3
# Black duiker (C. niger)                    3
# Ogilby's duiker (C. ogilbyi)              3
# Red-flanked duiker (C. rufilatus)          3
# Yellow-backed duiker (C. silvicultor)       3
# Zebra duiker (C. zebra)                    3
# Maxwell's duiker (Philantomba maxwellii)    3

dir.create(paste0(wd,

"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/Multiplied_Sp/Duikers_mult"))

pathSp=paste0(pathFD,"/Species_Dab81/Duikers_Dab81/") #path to access data

list_Species<-list.files(pathSp) #List of species in each group

Avg_host<-c(3,5,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3) #Average probability. This has to
be in the same order as R will read the tif files. See list_Species to see
order

for (i in 1:length(list_Species)){
  Species=list_Species[i]
  Raster_Sp<-raster(paste0(pathSp,Species))
  Species_mult<-Raster_Sp*Avg_host[i]
  Species_mult<-Species_mult*0.1
  Species_mult=mask(Species_mult,mask=FG_Dab81)
  writeRaster(Species_mult,filename=paste0(
    path_Out,"Duikers_mult/",substr(
      Species,1,nchar(Species)4),"_mult.tif"),overwrite=T)
}

Sp_not_AOI<-c("Cephalophus_callipygus_Dab81_mult.tif",
"Cephalophus_leucogaster_Dab81_mult.tif",
"Cephalophus_nigrifrons_Dab81_mult.tif",
"Cephalophus_weynsi_Dab81_mult.tif",
"Philantomba_monticola_Dab81_mult.tif") #species not
present in the area of interest

Avg.Species=list.files(paste0(path_Out,"/Duikers_mult/"))
Avg.Species=Avg.Species[!Avg.Species %in% Sp_not_AOI]
stack_Avg.Species<-stack(paste0(path_Out,"Duikers_mult/"),Avg.Species))
sum_duikers<-sum(stack_Avg.Species)
final_duikers<-sum_duikers/length(Avg.Species)
writeRaster(final_duikers,filename=paste0(
  path_OutFinal,"/Duikers_final.tif"),overwrite=T)

#####
### PRIMATES ###

## Average probability for PRIMATES

```



```

# Putty-nosed monkey (Cercopithecus nictitans)      1
# Gorillas sp. (Gorilla sp.)                      5 #not present in
                                                    Forested Guinea
# Chimpanzee (Pan troglodytes)                    5

dir.create(paste0(wd,
"/Results/ResultsGuinee/SpeciesWeights/Multiplied_Sp/Primates_mult"))

pathSp=paste0(pathFD,"/Species_Dab81/Primates_Dab81/") #path to access
data

list_Species<-list.files(pathSp) #list of species in each group

Avg_host<-c(1,5,5) #Average probability. This has to be in the same order
as R will read the tif files. See list_Species to see order

for (i in 1:length(list_Species)){
  Species=list_Species[i]
  Raster_Sp<-raster(paste0(pathSp,Species))
  Species_mult<-Raster_Sp*Avg_host[i]
  Species_mult<-Species_mult*0.1
  Species_mult=mask(Species_mult,mask=FG_Dab81)

writeRaster(Species_mult,filename=paste0(path_Out,"Primates_mult/",substr(
  Species,1,nchar(Species)-4),"_mult.tif"),overwrite=T)
}

Sp_not_AOI<-c("Gorilla_gorilla_Dab81_mult.tif") #species not present in
                                                    the area of interest

Avg.Species=list.files(paste0(path_Out,"/Primates_mult/"))
Avg.Species=Avg.Species[!Avg.Species %in% Sp_not_AOI]
stack_Avg.Species<-stack(paste0(path_Out,"Primates_mult/"),Avg.Species)
sum_primates<-sum(stack_Avg.Species)
final_primates<-sum_primates/length(Avg.Species)
writeRaster(final_primates,filename=paste0(
  path_OutFinal,"/Primates_final.tif"),overwrite=T)

### STANDARDIZE RASTERS OF SPECIES ###

pathSpRast=path_OutFinal #path to rasters of spp already multiplied by
the weights for each species
list_Species<-list.files(pathSpRast) #list of species rasters

for (i in 1:length(list_Species)){
  Species=list_Species[i]
  Raster_Sp<-raster(paste0(pathSpRast,Species)) #load rasters
  Sp_min<-cellStats(Raster_Sp,'min') #get min
  Sp_max<-cellStats(Raster_Sp,'max') #get max
  Sp_std<-(Raster_Sp-Sp_min)/(Sp_max-Sp_min) #standardise (0-1)
  writeRaster(Sp_std,filename=paste0(pathSpRast,substr(
    Species,1,nchar(Species)-4),"_std.tif")) #save raster
}

```

```
### END ###
```

Script A5.9. MODIS Script

```
#####  
#### MODIS download ####  
  
#This allow to open a GUI to download MODIS images in batch  
  
library(gWidgetsRGtk2)  
library(MODISTsp)  
  
wd=" D:/Larisa/Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa/" #path to working directory  
setwd(wd)  
  
### To open the GUI and choose processing options  
MODISTsp(gui = TRUE, options_file = NULL, spatial_file_path = NULL,  
          scroll_window = FALSE, test = NULL, n_retries = 20,  
          verbose = TRUE)  
  
##The type of MODIS product, tiles, dates, saving format and other  
optionscan be chosen.  
## The advantage of using this GUI is that several tiles can be processed  
at once and get the output of the whole study area into one GeoTiff  
  
### END ###
```

Script A5.10. NDVI Script

```
## Script to process hdf files for NDVI  
## files are product MOD13A3, resolution 1km  
## there are two tiles that cover the area of interest in Guinea  
## First hdf files are converted to geotiff and then they are merged into  
one GeoTiff file  
## Then standardizing and normalising functions are applied  
  
library(raster)  
## Loading required package: sp  
library(gdalUtils)  
  
wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees\\" #path to  
working directory  
setwd(wd)  
  
pathMod=paste0(wd, "/Guinee/NDVI & EVI/MOD13A3/MOD13A3_2013/") #path to hdf  
files from 2013  
  
dir.create(paste0(  
  wd, "/Guinee/NDVI & EVI/MOD13A3/MOD13A3_2013/NDVI_2013_geotiff/"))  
#create folder to save tif files  
pathGeo=paste0(
```

```

wd, "/Guinee/NDVI & EVI/MOD13A3/MOD13A3_2013/NDVI_2013_geotiff/") #path
                                to save rasters in the folder created above

dir.create(paste0(wd, "/Guinee/NDVI & EVI/NDVI_full_2013/")) #create
                                                                folder to save tif files
pathMos=paste0(wd, "/Guinee/NDVI & EVI/NDVI_full_2013/") #path to save
                                                                mosaic of both tiles

# Convert the two tiles into Geotiff
# Note that the name of each hdf file needs to be changed accordingly

gdalinfo(paste0(
  pathMod, "/2013.01/MOD13A3.A2013001.h16v08.006.2015254151802.hdf")) #get
                                                                data on the file

## Processing file for December 2013
sds<- get_subdatasets(paste0(
  pathMod, "2013.12/MOD13A3.A2013335.h16v08.006.2015272025719.hdf")) #get
                                                                layers (subdatasets) of file
gdal_translate(sds[1], dst_dataset=paste0(
  pathMod, "NDVI_dec2013_h16v08.tif")) #to convert the file in a GeoTiff.
                                The first layer (ie. sds[1]) contains the raster of NDVI
sds<- get_subdatasets(paste0(
  pathMod, "2013.12/MOD13A3.A2013335.h17v08.006.2015272024451.hdf"))

#repeat process for 2nd tile
gdal_translate(sds[1], dst_dataset=paste0(pathGeo, "NDVI_dec2013_h17v08.tif"
))

## Using mosaic_rasters() to merge the two tiles into one
# Note that the name of each file needs to be changed accordingly

r1<-paste0(pathGeo, "NDVI_dec2013_h16v08.tif")
r2<-paste0(pathGeo, "NDVI_dec2013_h17v08.tif")
mosaic_rasters(c(r1,r2), dst_dataset=paste0(pathMos, "/NDVI_Dec2013.tif"))
                                # getting one raster from the two tiles

## This procedure needs to be repeated for the NDVI for each month in
2013.
## But see script MODIS_script which allows to opent a GUI to download
MODIS images in batch, merge several tiles and save them as GeoTiff

#####
### Standardise and apply function to NDVI rasters ###

## Once all hdf files have been transformed into GeoTiff and merged, the
following loop can be used.
## Loop to format, standardise and normalise all NDVI rasters in 2013.

# Load AOI.RData to get extent and projection

load("AOI.RData")
proj_Dab81
FG_Dab81
Extent_Dab81

```

```

rast_Dab81

dir.create(paste0(wd, "/Formatted_Data/Guinee_Dab81/NDVI_Dab81")) #create
                                folder to save formatted rasters
pathSave=paste0(wd, "/Formatted_Data/Guinee_Dab81/NDVI_Dab81/") #path to
                                folder to save formatted rasters

pathMos=paste0(wd, "/Guinee/NDVI & EVI/NDVI_full_2013/") #path to get NDVI
                                rasters already merged

list_NDVI=list.files(pathMos)

for (i in 1:length(list_NDVI)){
  NDVI<-list_NDVI[i]
  NDVI_rast<-raster(paste0(pathMos, NDVI)) #Loading raster
  NDVI_rast<-NDVI_rast*0.0001 #to get values of NDVI between -1 to 1 (see
                                MODIS documentation for product MOD13A3)
  NDVI_rast<-projectRaster(NDVI_rast, crs=proj_Dab81) #reproject raster
  NDVI_rast<-crop(NDVI_rast, FG_Dab81)
  NDVI_rast<-setExtent(NDVI_rast, ext=Extent_Dab81) #setting correct extent
  NDVI_rast<-resample(NDVI_rast, rast_Dab81, method="bilinear") # resampling
                                to get good resolution

  NDVI_rast<-mask(NDVI_rast, mask=FG_Dab81)
  NDVI_min<-cellStats(NDVI_rast, 'min')
  NDVI_max<-cellStats(NDVI_rast, 'max')
  NDVI_std<-(NDVI_rast-NDVI_min)/(NDVI_max-NDVI_min)# standardize (0 to 1)
  x<-NDVI_std
  NDVI_rast<-1-(2*x-1)^2 #normalising function (from experts)
  writeRaster(NDVI_rast, paste0(pathSave, substr(
    NDVI, 1, nchar(NDVI)-4), "_std.tif"), overwrite=T)
}

## To check that rasters are the same resolution as all the others
all.equal(extent(Extent_Dab81), extent(NDVI))
all.equal(ncol(rast_Dab81), ncol(NDVI))
all.equal(nrow(rast_Dab81), nrow(NDVI))
all.equal(res(rast_Dab81), res(NDVI))

#####
### To Calculate mean value of NDVI for each month ###

list_NDVI=list.files(paste0(wd, "/Guinee/NDVI & EVI/NDVI_full_2013"))

for (i in 1:length(list_NDVI)){
  NDVI<-list_NDVI[i]
  NDVI_rast<-raster(paste0(wd, "Guinee/NDVI & EVI/NDVI_full_2013/", NDVI))
                                #loading raster
  NDVI_rast<-NDVI_rast*0.0001 #to get values of NDVI between -1 to 1 (see
                                MODIS documentation for product MOD13A3)
  NDVI_rast<-projectRaster(NDVI_rast, crs=proj_Dab81) #reproject raster
  NDVI_rast<-crop(NDVI_rast, FG_Dab81)
  NDVI_rast<-setExtent(NDVI_rast, ext=Extent_Dab81) #setting correct extent
  NDVI_rast<-resample(NDVI_rast, rast_Dab81, method="bilinear") #resampling

```

```

NDVI_rast<-mask(NDVI_rast,mask=FG_Dab81)
mean<-cellStats(NDVI_rast,"mean",na.rm=T)
tmp<-paste0("mean_",substr(NDVI,5,12))
assign(paste0("mean_",substr(NDVI,5,12)),mean)
print(c(tmp,mean))
}

### END ###

```

to get good resolution
calculate mean for each raster
to use in print below
assign the mean to the name of month
print the means

Script A5.11 Temperature Script

```

#####
### TEMPERATURE #####

## Max and Min temperatures for Africa every 10 days; data in GeoTiff
## provided by Annelise Tran
## Here I will calculate annual temperature range

library(raster)
library(rgdal)
library(sp)
library(rgeos)
library(gdalUtils)

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees\\"
setwd(wd)

# Temperature data are on the WGS84 CRS
# resolution is 0.25 degrees

## Get projection for Dabola 1981, to be used in reprojection of rasters
# http://spatialreference.org/ref/epsg/3462/proj4/

## Load objects from AOI script ##

load("AOI.RData")

#####
### PREPARING MAX AND MIN DATA FOR A YEAR #####

## Loop to crop all the rasters for Max temperatures for 2013

dir.create(paste0(
  wd,"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters"))
dir.create(paste0(
  wd,"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Annual_temperatures"))

```

#path to working directory
#create folder to save cropped rasters

```

                                #create folder to save rasters of annual temperatures
pathAnnual=paste0(
  wd,"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Annual_temperatures/")

dir.create(paste0(wd
,"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters/tempMax_2013_Crop")) #create folder to save cropped rasters for max temp 2013

pathCrop=paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters/tempMax_2013_Crop/") #path to save cropped rasters

sr<-"+proj=utm +zone=29 +a=6378249.2 +b=6356515 +towgs84=-
83,37,124,0,0,0,0 +units=m +no_defs" #projection Dabola 1981

path_TempMax<-paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Data_Annelise/tempMax_Annelise/tempMax_2013/") #path to folder with max temperatures for a year

list_TempMax<-list.files(path_TempMax) #List of Max Temperatures raster files

for(i in 1:length(list_TempMax)){
  MaxTemp=list_TempMax[i]
  Rast_MaxTemp<-raster(paste0(path_TempMax,MaxTemp)) #Loading rasters
  Rast_MaxTemp <- projectRaster(Rast_MaxTemp, crs = sr)# Project Raster
                                                    to Dabola 1981
  Rast_MaxTemp=crop(Rast_MaxTemp,FG_Dab81) #cropping raster
  writeRaster(Rast_MaxTemp,filename=paste0(
    pathCrop,substr(MaxTemp,1,nchar(MaxTemp)-4),"_crop.tif"),overwrite=T)
                                                    #save raster
}

path_TempMax_crop<-paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters/tempMax_2013_Crop/")
                                                    #path to cropped files

list_TempMax_crop<-list.files(path_TempMax_crop) #list of cropped files
MaxTemp_stack<-stack(paste0(path_TempMax_crop,list_TempMax_crop))
                                                    #creating stack of all max temperatures within a year
MaxTemp<-calc(MaxTemp_stack,fun=max,filename=paste0(
  pathAnnual,"MaxTemp_2013.tif"),overwrite=T) #estimating maximum value
                                                    and saving file

## Repeat procedure above to get Min temperatures for 2013

dir.create(paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters/tempMin_2013_Crop"))
                                                    #create folder to save cropped rasters for min temp 2013

pathCrop=paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters/tempMin_2013_Crop/")
                                                    #path to save cropped rasters

```

```

path_TempMin<-paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Data_Annelise/tempMin_Annelise/te
mpMin_2013/")          #path to folder with max temperatures for a year
list_TempMin<-list.files(path_TempMin) #list of Min Temperatures raster
                                files

for(i in 1:length(list_TempMin)){
  MinTemp=list_TempMin[i]
  Rast_MinTemp<-raster(paste0(path_TempMin,MinTemp)) #Loading rasters
  Rast_MinTemp <- projectRaster(Rast_MinTemp, crs = sr)# Project Raster to
                                Dabola 1981
  Rast_MinTemp=crop(Rast_MinTemp,FG_Dab81)          #cropping raster

writeRaster(Rast_MinTemp,filename=paste0(pathCrop,substr(MinTemp,1,nchar(
  MinTemp)-4),"_crop.tif"),overwrite=T) #save raster
}

path_TempMin_crop<-paste0(wd,
"Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Cropped_rasters/tempMin_2013_Crop/
")          #path to cropped files
list_TempMin_crop<-list.files(path_TempMin_crop) #list of cropped files
MinTemp_stack<-stack(paste0(path_TempMin_crop,list_TempMin_crop))
                                #creating stack of all min temperatures within a year
MinTemp<-calc(MinTemp_stack,fun=min,filename=paste0(
  pathAnnual,"MinTemp_2013.tif"),overwrite=T) #estimating minimum value
                                and saving file

#####
### Calculating Annual Range ###

Max<-raster(paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Annual_temperatures/MaxTemp_2013.
tif")) #Loading raster of Max temperatures

Min<-raster(paste0(wd,
"/Guinee/Temperature/Temperature_rasters/Annual_temperatures/MinTemp_2013.
tif")) #Loading raster of Min temperatures

dir.create(paste0(wd,"Formatted_Data/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81"))
                                #create folder to save formatted files
pathFormat=paste0(wd,"Formatted_Data/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/")
                                #path to save formatted files

TempRange<-Max-Min #calcluate temperature range
h<-round(369/12,digits=0) #factor to use in disaggregation for ncols. it
                                needs to be integer
v<-round(301/10,digits=0) #factor to use in disaggregation for nrows. it
                                needs to be integer
TempRange_1km<-disaggregate(TempRange,fact=c(h,v),method="bilinear")

#it has 300 rows and 372 columns. All other rasters have 369 and 301
respectively, so raster is resampled to have exact extent and resolution
as others.

```



```

TempRange_1kmReproj<-
projectRaster(TempRange_1km,rast_Dab81,method="bilinear") #resampling and
                        putting raster into the right projection
writeRaster(TempRange_1kmReproj,paste0(
    pathFormat,"AnnualTempRange_2013.tif"),overwrite=T)

#####
### MEAN ANNUAL TEMPERATURE ###

## Data comes from product MOD11A2 of MODIS
## It is land surface temperature (in Kelvin) of 1km resolution every 8
days
## (Note that a GUI (see MODIS_script) can be used to get hdf files into
GeoTiff instead of doing the procedure below)

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\Donnees\\" #path to
working directory
setwd(wd) #path to working directory

pathFD=paste0(wd,"/Formatted_Data/") #path to folder to save formatted
rasters
dir.create(paste0(
    pathFD,"Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/8Day_temperatures")) #create
                        folder to save cropped and projected files to Dabola 1981

### Procedure to put the two tiles that cover forested Guinee together,
reprojecting to Dabola 1981 and cropping to the area of interest
## tiles are h16v08 and h17v08 (this is part of the hdf file name) need to
be merged
## (see loop below to convert all hdf files into geotiff files)

dir.create(paste0(wd,"/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A_geo/")) #create
                        folder to output geotiff files
dir.create(paste0(
    wd,"/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A_geo/Temperature_2013/")) #create
                        folder to output geotiff files for 2013

OutTiff<-
paste0(wd,"/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A_geo/Temperature_2013/")
                        #path to output geotiff files

path_MOD<-
paste0(wd,"/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A/MOD11A_2013/MOD11A_2013_HDF/")
                        #path to HDF files

TEMPLlist<-list.files(paste0(path_MOD)) #list of hdf files
sds<-get_subdatasets(paste0(path_MOD,TEMPLlist[1])) #get layers
                        (subdatasets) of first tile
gdal_translate(sds[1],dst_dataset=paste0(OutTiff,substr(
    TEMPLlist[1],1,nchar(TEMPLlist[1])-4),".tif"))#to convert the file in a
                        GeoTiff. The file of Land surface temperature is in layer 1

sds<-get_subdatasets(paste0(path_MOD,TEMPLlist[2])) #get layers

```



```

                                (subdatasets) of second tile
gdal_translate(sds[1],dst_dataset=paste0(
    OutTiff,substr(TEMPLList[2],1,nchar(TEMPLList[2])-4),".tif"))#to
                                convert the file in a GeoTiff, for the 2nd tile

dir.create(paste0(
wd, "/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A_geo/Temperature_2013/Mosaics_2013"))
                                #create folder to output mosaics for 2013

List_tif<-list.files(paste0(OutTiff))#list of the geotiff files

R1<-paste0(OutTiff,List_tif[1]) #to use mosaic_rasters() from gdal, tile 1
R2<-paste0(OutTiff,List_tif[2]) #to use mosaic_rasters() from gdal, tile 2
mosaic_rasters(c(R1,R2),dst_dataset=paste0(
    OutTiff,"Mosaics_2013/Temp2013_1_2.tif")) #this mosaics both tiles to
                                get all the area of interest

T1<-raster(paste0(OutTiff,"Mosaics_2013/Temp2013_1_2.tif")) #Loading the
                                raster
T1_Dab81<-projectRaster(T1,crs=proj_Dab81) #reproject raster to the Dabola
                                1981 projection
T1_crop<-crop(
    T1_Dab81,FG_Dab81,filename=paste0(
pathFD, "/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/8Day_temperatures/Temp2013_1_2.tif
"), overwrite=T) #save file

#####
#### Loop to convert all hdf files into geotiff files ####

path_MOD<-
paste0(wd, "/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A/MOD11A_2013/MOD11A_2013_HDF/")
                                #path to HDF files for 2013

TEMPLList<-list.files(paste0(path_MOD)) #list of hdf files
OutTiff<-
paste0(wd, "Guinee//Temperature/MODIS/MOD11A_geo/Temperature_2013/")
                                #path to output geotiff files

for(i in 1:length(TEMPLList)){
    TEMPPhdf=TEMPLList[i]
    sds<-get_subdatasets(paste0(path_MOD,TEMPPhdf))
    gdal_translate(sds[1],dst_dataset=paste0(OutTiff,substr(
        TEMPPhdf,1,nchar(TEMPPhdf)-4),".tif"))
}
#####

## Once the geotiff files are created then all the mosaics must be
produced, projected and cropped as shown above
## I do the same here below. (There must be a way to write a script to do
this in a loop...)
## The name of the files are using the tile number in increasing order of
the list of hdf files

```

```

## Also rasters need to be multiplied by 0.02 (see MODIS documentation)
and converted to Celsius degrees

List_tif<-list.files(paste0(OutTiff))#list of the geotiff files
R1<-paste0(OutTiff,List_tif[1])
R2<-paste0(OutTiff,List_tif[2])
mosaic_rasters(c(R1,R2),dst_dataset=paste0(
  OutF,"Mosaics_2013/Temp2013_1_2.tif")) #this merges both tiles to get
all the area of interest

## This procedure is repeated with each pair of tiles correspondig to the
same date to get all the temperature GeoTiff files for the year
## Then a loop can be done to format files into the correct extent,
resolution and projection

## Loop to reproject,
  ## crop to area of interest
  ## multiply by factor of 0.02 (see documentation for product MOD11A
product)
  ## convert to celsius

load("AOI.RData") #load in case it is not Loaded

FG_Dab81 #area to crop, from AOI_script
proj_Dab81 #projection to use from AOI_script

path_Out<-
paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/8Day_temperatures") #path
to output files
OutTiff<-
  paste0(wd,"/Guinee/Temperature/MODIS/MOD11A_geo/Temperature_2013/")
#path to geotiff files of temperature
List_tif<-list.files(paste0(OutTiff,"Mosaics_2013"))#list of the geotiff
files

for (i in 1:length(List_tif)){
  Tfile=List_tif[i]
  T1<-raster(paste0(OutTiff,"Mosaics_2013/",Tfile)) #Loading the raster
  T1<-projectRaster(T1,crs=proj_Dab81) #reproject raster to the Dabola
1981 projection
  T1<-crop(T1,FG_Dab81) #crop to extent of area of interest
  T1<-T1*0.02 #multiplying by factor 0.02
  T1<-T1-273.15 #converting to Celsius
  writeRaster(T1,filename=paste0(
    pathFD,"/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/8Day_temperatures/",substr(
      Tfile,1,nchar(Tfile)-4),"_ok.tif"),overwrite=T)
}

## Note that for several rasters there are NAs (see below to calculate
%NAs for each file)

## To estimate the mean annual temperature removing NA values:

```

```

pathTemp<-
paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/8Day_temperatures/")
TempList<-list.files(pathTemp)

TempStack<-stack(paste0(pathTemp,TempList))  #stack rasters of temperature
MeanTemp<-mean(TempStack, na.rm=T)          #calculate mean
MeanTemp<-projectRaster(MeanTemp,rast_Dab81, method="bilinear") #putting
                                             raster in same extent and resolution as the others
writeRaster(MeanTemp,filename=paste0(
  pathFD,"/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/MeanTemp_2013.tif"),
  overwrite=T)      #save raster of mean annual temperature

#####

#####
### COUNT NAs IN RASTER ###

## The temperature rasters have NAs
## To count number of NAs for each raster and save file with results as
csv:

path_temp<-
paste0(pathFD,"/Guinee_Dab81/Temperature_Dab81/8Day_temperatures/")
List_temp<-list.files(path_temp)
results<-matrix(NA,nrow=46,ncol=2)          #matrix for output results;
                                             nrow is the number of files

for (i in 1:length(List_temp)){
  Temp=List_temp[i]
  rast_temp=raster(paste0(path_temp,Temp))
  rast_temp[is.na(rast_temp)] <- 0          #NAs converted to zero
  rast_temp=mask(rast_temp,FG_Dab81,updatevalue=100 #mask so that NA
                                             values outside area of interest = 100
  rast_temp.df=as.matrix(rast_temp) #convert to matrix to be able to count
  NAs<-sum(rast_temp.df==0) #calculate number of NAs (which were converted
                           to zero above)
  results[i,]<-c(Temp,NAs)                #result into matrix
}

write.csv(results, file=paste0(path_temp,"NAs_Temperature.csv"))
                                             #export csv

### END ###

```

Script A5.12. Precipitation Script

```

#####
### PRECIPITATION ###

## Data is monthly rainfall in mm; resolution 0.05 degrees
## Script to find the driest and wettest month
## Then the rasters are standardized to be used in MCE

```

```

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\" #path to working
directory
setwd(wd)

## From 1_AOI_script create the Extent and rasters of the area of interest
for reprojection and cropping

load (paste0(wd,"/Donnees/AOI.RData"))

Extent_WGS84
rast_WGS84
rast_Dab81

## Rainfall for 2013 ####
## Loop to load, crop and reproject all the rasters to manipulate them and
get the mean for each month to see the driest and wettest

rain_list=list.files(paste0(wd,"/Donnees/Guinee/Precipitation/CHIRPS/Chirps_2013")) #list of raster files

for (i in 1:length(rain_list)){
  rain=rain_list[i]
  rain_rast<-
raster(paste0(wd,"/Donnees/Guinee/Precipitation/CHIRPS/Chirps_2013/",rain)
)
  rain_rast<-crop(rain_rast,Extent_WGS84) #cropping
  rain_rast<-disaggregate(rain_rast, fact=5, method="bilinear") #
disaggregate to a resolution of 1km aprox
  rain_rast<-resample(rain_rast,rast_WGS84, method="bilinear") # resampling
to get the exact resolution
  rain_rast<-projectRaster(rain_rast,rast_Dab81) # Reprojection for Dab81
for Guinea
  mean<-cellStats(rain_rast,"mean",na.rm=T)#calculate mean for each raster
  tmp<-paste0("mean_",substr(rain,13,19)) # to use in print below
  assign(paste0("mean_",substr(rain,13,19)),mean) # assign the mean to the
name of month

  print(c(tmp,mean)) # print the means
}

## This is almost the same as the loop above, but here each raster is
loaded into memory so that it can be manipulated later

for (i in 1:length(rain_list)){
  rain=rain_list[i]
  rain_rast<-
raster(paste0(wd,"/Donnees/Guinee/Precipitation/CHIRPS/Chirps_2013/",rain)
)
  rain_rast<-crop(rain_rast,Extent_WGS84) #cropping
  rain_rast<-disaggregate(rain_rast, fact=5, method="bilinear")
# disaggregate to a resolution of 1km aprox
  rain_rast<-resample(rain_rast,rast_WGS84, method="bilinear") # resampling
to get the correct resolution
  rain_rast<-projectRaster(rain_rast,rast_Dab81) # Reprojection for Dab81

```

```

                                for Guinea
tmp<-paste0("R",substr(rain,13,19)) # create character object to use
                                in get() below
assign(paste0("R",substr(rain,13,19)),rain_rast) #assign the name of the
                                date to the raster
get(tmp)                                #load the raster into the environment
}

#### Process all precipitation rasters for 2013 ####

wd="D:\\Larisa\\Stage_EboHealth_LeeCruzLarisa\\" #path to workingdirectory
setwd(wd)

## function: y6 <- (sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0)) # function to
standardize (ie. assumed relationship between Ebola spillover and
rainfall)
sigm <- function(x) 1 / (1 + exp(-(10*(x-1/2)))) #to use in function

dir.create(paste0(wd,"/Donnees/Rasters_MCE/Guinee/Rainfall")) #create
                                folder output rasters

path_rainfall<-paste0(wd,"Donnees/Rasters_MCE/Guinee/Rainfall/") #path
                                for output rasters

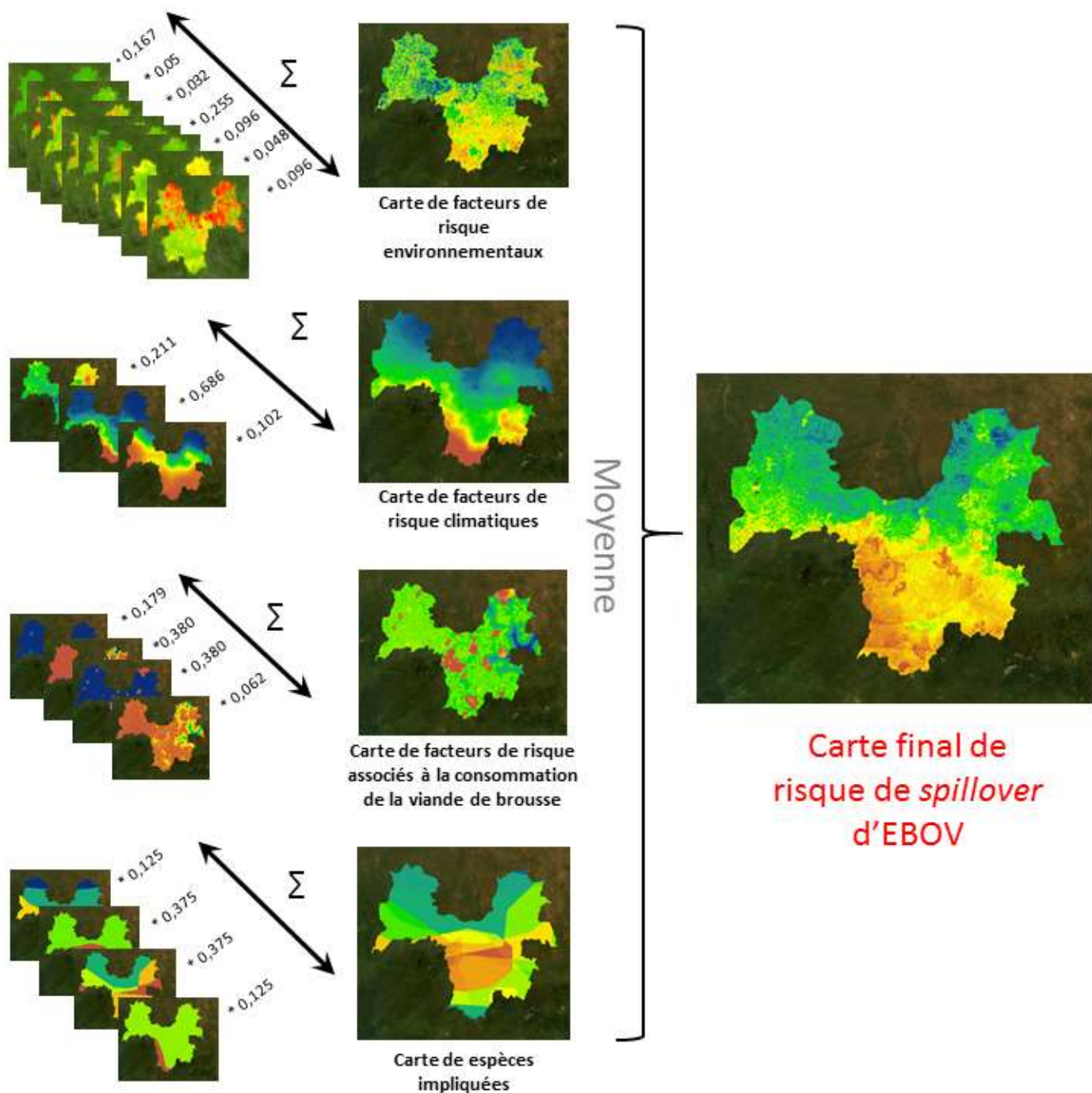
rain_list=list.files(paste0(
    wd,"Donnees/Guinee/Precipitation/CHIRPS/Chirps_2013"))

for (i in 1:length(rain_list)){
    rain=rain_list[i]
    rain_rast<-
raster(paste0(wd,"/Donnees/Guinee/Precipitation/CHIRPS/Chirps_2013/",rain)
)
    rain_rast<-crop(rain_rast,Extent_WGS84) #cropping
    rain_rast<-disaggregate(rain_rast,fact=5,method="bilinear")
                                # disaggregate to a resolution of 1km aprox
    rain_rast<-resample(rain_rast,rast_WGS84,method="bilinear") # resampling
to get the correct resolution
    rain_rast<-projectRaster(rain_rast,rast_Dab81) # Reprojection for Dab81
for Guinea
    rain_rast<-mask(rain_rast,mask=FG_Dab81) # mask raster
    rain_min<-cellStats(rain_rast,'min') # calculate min for raster
    rain_max<-cellStats(rain_rast,'max') # calculate max for raster
    rain_std<-(rain_rast-rain_min)/(rain_max-rain_min) #standardize between
0 and 1
    x<-rain_std
    rain_func<-(sigm(x) - sigm(0))/(sigm(1) - sigm(0)) # apply sigmoid
function

writeRaster(rain_func,paste0(path_rainfall,substr(rain,1,7),substr(rain,13
,19),".tif"),overwrite=T) #save raster
}

### END ###

```



Résumé

La maladie d’Ebola est une maladie infectieuse virale émergente, d’origine zoonotique, responsable d’épidémies importantes. Les cartes de risque de transmission peuvent aider à la surveillance pour prévenir des futures épidémies. L’objectif de cette étude a été de construire des cartes de risque de transmission du virus Ebola des animaux aux hommes (i.e. *spillover*) en Guinée forestière en utilisant la méthode d’évaluation multicritère spatialisée (MCE). Nous avons identifié quatre types de risque associés au *spillover* du virus Ebola (environnemental, climatique, associé à la consommation de la viande de brousse et associé aux espèces animales impliqués dans la transmission du virus) que nous avons hiérarchisés grâce à une revue bibliographique. Des données géographiques de libre accès ont été utilisées pour représenter les variables associées à chaque facteur de risque. Les facteurs de risque ont été standardisés et agrégés pour produire une carte finale de favorabilité de *spillover* du virus Ebola. Les résultats montrent que le risque de *spillover* de virus Ebola est plus élevé dans la moitié sud de la Guinée forestière, mais que des zones au nord sont aussi favorables lors de la saison de pluie. Nous avons utilisé des données de chauves-souris testées pour la présence d’anticorps contre le virus Ebola pour la validation des cartes de risque. Les résultats suggèrent qu’un événement de *spillover* est plus probable dans les zones de favorabilité intermédiaire. Un résultat similaire a été obtenu avec les cartes de risque produites pour une région de la République du Congo, validés avec des données de localisation des événements de *spillover* antérieurs dans cette région. La maladie d’Ebola a frappé l’Afrique de l’Ouest d’une façon inattendue. Le MCE est une méthode qui permettrait d’identifier des zones à risque hors des zones qui ont subi des épidémies précédemment.

Summary

Ebola disease is a zoonotic emerging viral infectious disease responsible for major epidemics. Risk mapping of virus transmission can aid surveillance and help prevent future outbreaks. The aim of this study was to build risk maps of spillover of Ebola virus in forested Guinea using the spatial multicriteria evaluation (MCE). We identified and classified risk factors based on a literature review. Four types of risk associated to the spillover of Ebola virus were identified: risk associated to environmental variables, to climatic variables, to the consumption of bushmeat and the risk associated to the species potentially involved in Ebola virus transmission. Open access geographic data were collected, standardized and combined to build maps of suitability of spillover of Ebola virus. Our results show that the southern half of forested Guinea is more suitable for the risk of spillover of Ebola virus, but that areas in the north are also suitable during the rainy season. Data of bats tested for the presence of antibodies against Ebola virus were used for validation of these maps. Results suggest that a spillover is more likely in areas of intermediate suitability. We found a similar result using risk maps built for a region in the Republic of the Congo, where validation was based on previous spillover events in the region. Ebola disease appeared unexpectedly in West Africa causing the worse epidemic of Ebola to date. MCE is a useful method to identify areas at risk in regions that have no record of previous Ebola outbreaks.

Mots-clés : Ebola, évaluation multicritère spatialisée, *spillover*, cartographie de risque, Guinée

Keywords : Ebola, spatial multicriteria evaluation, spillover, risk mapping, Guinea